



⑮ **BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**  
⑩ **DE 100 54 922 A 1**

⑤① Int. Cl.<sup>7</sup>:  
**G 06 F 17/00**  
G 06 F 17/30  
G 06 F 17/60  
// G06F 159/00

⑳ Aktenzeichen: 100 54 922.5  
㉑ Anmeldetag: 6. 11. 2000  
㉒ Offenlegungstag: 31. 5. 2001

**DE 100 54 922 A 1**

③① Unionspriorität:  
435504 06. 11. 1999 US

⑦① Anmelder:  
Fernandez, Dennis Sunga, Redwood City, Calif., US

⑦④ Vertreter:  
Hauck & Wehnert, 80336 München

⑦② Erfinder:  
gleich Anmelder

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

⑤④ Bioinformatik-Transaktionsschema

⑤⑦ Ein Sicherheitsnetzwerktransaktionssystem empfängt vom Nutzer autorisierte genetische Terme oder ein entsprechendes Bioinformatikprofil und führt einen On-Line-Service in Abhängigkeit von einem medizinischen oder anderen Risiko, das hieraus ermittelt wurde, auf genetischer Basis durch. Versicherungspolice, Beförderungsangebote oder andere Dienstleistungen können den Zustand auf genetischer Basis dynamisch adressieren. Bioinformatikdaten klassifizieren den Nutzer über eine persönliche Maske, die einen Untersatz der genetischen Sequenz des Nutzers herausfiltert. Ein Risikoprofil kann gemäß statistischen Werten, genetischen Werten und/oder Erbgutwerten unter Anwendung von nicht-diskriminatorischen Regeln, die für Nutzer in zeitlichen oder rechtlichen Gruppen spezifiziert sind, berechnet werden. Nutzertransaktionen sind in Abhängigkeit von Bioinformatikdaten, die einen Anstieg oder Abfall des Risikos auf genetischer Basis repräsentieren, modifizierbar. Die Daten werden über einen Netzwerksver für einen entfernten Zugriff und Transaktionen unter Verwendung von verschiedenartigen tragbaren Nutzervorrichtungen auf sichere Weise verarbeitet, moduliert und gespeichert.

**DE 100 54 922 A 1**

Die vorliegende Erfindung betrifft allgemein das Gebiet der Bioinformatik, insbesondere Transaktionen mit vernetzten Computern unter Verwendung von Genbezogenen Benutzerdaten.

Die Bioinformatik betrifft einen Bereich, der Biologie und Computerwissen vereinigt. Auf diesem anwachsenden interdisziplinären Gebiet können verschiedenartige, der Genetik und dem Arzneimittelbereich zugeordnete Techniken mit Computern, Software, Datenbanken, Netzwerken und anderen digitalen Bearbeitungstechniken kombiniert werden. Anwachsende Gensequenz-Datenbanken und Analysenwerkzeuge stehen über das Internet und andere computerisierte Verteilungssysteme im großen Umfang zur Verfügung, um bestimmte vielversprechende Bereiche in bezug auf die Entdeckung von Arzneimitteln, insbesondere die Identifizierung, das Screening und die Vorhersage von Gen- und Proteinstrukturen und -funktionen, zu automatisieren.

Die gegenwärtigen Bioinformatiksysteme und -prozesse sind jedoch höchst datenintensiv und machen manchmal die Verarbeitung von Billionen von Teilen von persönlichen genetischen Daten erforderlich, von denen viele sehr vertraulich sein können. Es besteht daher ein Bedarf nach einem verbesserten Schema zur Handhabung von umfangreichen Bioinformatikdaten sowie von beliebigen hiermit verbundenen empfindlichen Transaktionen.

Diesem Bedarf werden das im Anspruch 1 wiedergegebene Verfahren, die im Anspruch 13 wiedergegebene Vorrichtung und die im Anspruch 19 wiedergegebene Datenstruktur gerecht. Weiterbildungen der Erfindung gehen aus den Unteransprüchen hervor.

Das hier beschriebene Verfahren und die hier beschriebene Vorrichtung ermöglichen eine sichere Transaktion auf Bioinformatikbasis, wobei ein On-Line-Service gemäß einem freiwilligen genetischen Profil zur Verfügung gestellt wird. Beispielsweise bezieht sich eine Netzwerkbotschaft auf Versicherungspolizen, Beförderungsangebote oder andere personalisierte Dienste, wobei auf dynamische Weise medizinische Risiken oder andere Risiken auf genetischer Basis betrachtet werden, die aus einem vertraulichen Benutzerprofil ermittelt wurden. Eine bioinformatische Klassifizierung eines persönlichen Risikoprofils wird autorisiert, wobei ein logisches Maskierungsverfahren Anwendung findet, um eine Untergruppe einer Referenzgensequenz des Benutzers oder eine verwandte Struktur auf wirksame Weise auszufiltern.

Wahlweise wird das Risikoprofil des Benutzers unter Verwendung von Statistiken, genetischen Grundlagen und/oder Vererbungsgrundlagen über nicht-diskriminatorische Regeln, die zeitlich oder juristisch spezifiziert sind, berechnet. Transaktionsterme sind in Abhängigkeit von einer Zunahme oder Abnahme des Risikoprofils dynamisch modifizierbar. Über abgesicherte Netzwerkserverprozesse werden Daten für einen entfernten Zugriff und Transaktionen über tragbare Benutzervorrichtungen verarbeitet, codiert und gespeichert.

Die Erfindung wird nachfolgend anhand von Ausführungsbeispielen in Verbindung mit der Zeichnung im einzelnen erläutert. Es zeigen:

**Fig. 1a** ein Systemnetzwerkdiagramm zur Verwirklichung der vorliegenden Erfindung;

**Fig. 1b** ein Ablaufdiagramm von Schritten zur Realisierung von einem oder mehreren Aspekten der vorliegenden Erfindung;

**Fig. 1c** ein Funktionsblockdiagramm eines Benutzermoduls zur Verwirklichung von einem oder mehreren Aspekten der vorliegenden Erfindung; und

**Fig. 2** ein Diagramm, das die Datenstruktur gemäß einem

oder mehreren Aspekten der vorliegenden Erfindung verdeutlicht.

Das Diagramm der **Fig. 1a** zeigt eine Schaltungs-, Überbrückungs-, Routing- und/oder digitale Netzwerk- oder entsprechende digitale Systemarchitektur **2** für repräsentative elektronische Signale und/oder Paket-, Zell-, Rahmen- oder andere Datenformate, die realisiert werden kann unter Verwendung von einem oder mehreren verbindbaren oder gekoppelten, herkömmlichen oder geschützten, verdrahteten und/oder drahtlosen, elektronischen und/oder optischen, terrestrischen und/oder außerterrestrischen Netzwerken (LAN) für einen lokalen Bereich und/oder Netzwerken (WAN) für einen weiten Bereich oder anderen Netzwerkkommunikationsinfrastruktureinrichtungen, anderer Elektronik, anderer Software und/oder verwandter fester oder rekonfigurabler Funktionalität. Das Netzwerk **2** dient allgemein dazu, bei einem lokalen und/oder entfernten Zugriff, eine entsprechende Übertragung, eine entsprechende Speicherung oder entsprechende andere anwendbare Kommunikationen in bezug auf elektronische Signale, Dateien oder andere Daten zwischen Computern, Prozessoren, Servern, Geräten oder anderen adressierbaren Knoten durchzuführen, die über ein Netzwerk zugänglich sind.

Wie gezeigt, kann das Netzwerk **2** dazu dienen, Knoten miteinander zu verbinden, wie Server oder Rechenvorrichtungen **4** von Versicherungen oder anderen Dienstleistern, die einen Zugriff haben auf Mitgliedsdaten, Policen oder Vorschriftendatenbanken oder andere Speicherorte **5**, Server oder Rechenvorrichtungen **6** für Anwender oder andere Nutzer mit Zugriff auf Datenbanken oder andere Speicherorte **7** von Beschäftigten, Vorschriften oder Anwendungskriterien, Server oder Rechenvorrichtungen **8** von öffentlichen Einrichtungen oder anderen Einrichtungen des Öffentlichen Dienstes mit Zugriff auf Vorschriften, Unterscheidungskriterien, Mapping-Sequenzen von empfohlenen Sequenzen und heuristischen Werten, Genomsequenzen oder Datenbanken von beschränkten Klassen oder andere Speicherorte **9**, private oder andere gesicherte Server oder Rechenvorrichtungen **10** mit Zugriff auf persönliche Referenzsequenzen oder Profile, spezialisierte Dienste oder Vorschriftendatenbanken oder andere Speicherorte **11**, Server oder Rechenvorrichtungen **12** von Benutzern oder anderen Klienten mit Zugriff auf persönliche Referenzsequenzen oder Profile, Transaktionsaufzeichnungen, Vorschriften, spezialisierte Dienste oder Sensorinformationsdatenbanken oder andere Speicherorte **13**, Server oder Rechenvorrichtungen **14** für Labor- oder andere Testeinrichtungen mit Zugriff auf persönliche Referenzsequenzen oder Profile, Ergebnisse von Labortestsequenzen oder Vorschriftendatenbanken oder andere Speicherorte **15** und Server oder Rechenvorrichtungen **16** für Werkzeuge oder andere automatisierte Anwendungen mit Zugriff auf Analysesoftware, spezielle Anwendungsfälle oder Simulationsprogramme und Modelldatenbanken oder andere Speicherorte **17**.

Jede Rechenservereinheit **4, 6, 8, 10, 12, 14, 16** kann unabhängig voneinander oder zusammenwirkend wirksam operieren, um die Rechenbelastung und Datenspeicherung über abstufbare Netzwerkressourcen zu verteilen.

Vorzugsweise ist jeder Server so ausgebildet, daß er für ein oder mehrere herkömmliche Betriebssysteme und Programmiersprachen und Einrichtungen, wie Windows, Fortran, Unix, Linux, C/C++, Perl, Corba, cgi etc., ein oder mehrere objektorientierte oder in Beziehung stehende Datenbankenmanagementsysteme, um ein homogenes oder heterogenes Datenformat sowie einen Zugriff, beispielsweise das sql-Format, zu ermöglichen, und Netzwerkkommunikationsschnittstellenmanagementeinrichtungen, um einen nahtlosen Dateienterfer und -zugriff zu ermöglichen, wie Da-

tentransferprotokolle, elektronische Botschaften, sogenannte html/xml/java und andere Medienformate für Web-Browse und On-Line-Transaktionen und kommerzielle Zugriffe, geeignet sind.

Normalerweise werden in einer sicheren Netzwerkkonfiguration, vorzugsweise gemäß dem vorliegenden automatisierten Transaktionsprozeß und/oder System, ein oder mehrere persönliche oder einzigartige Bioinformatikwerte, genetische Parameter, DNA (Desoxyribonukleinsäure) Sequenzen, Faltstrukturen oder Untergruppen hiervon, andere biologische, erblich oder genetisch identifizierbare oder klassifizierbare Daten, die einem oder mehreren Benutzern, Teilnehmern, Klienten oder anderen bestimmten Personen zugeordnet sind, ermittelt, zur Verfügung gestellt, erzeugt, berechnet, verarbeitet, auf sonstige Weise erhalten oder es wird auf diese Daten zugegriffen.

Bevorzugte Bioinformatikwerte werden als digitale oder alphanumerische Datenstruktur vorgesehen, erzeugt oder es wird ein Zugriff auf diese Werte getätigt, einschließlich einem oder mehreren Benutzeridentifikationsfeldern und Untergruppen von genetischen Sequenzen, Masken, Screens oder Filtern, so daß die Benutzerreferenzsequenz für eine autorisierte Transaktion unter Benutzung von Sequenzuntergruppen oder genetischen Masken sicher verarbeitbar ist, um den teilnehmenden Benutzer zu qualifizieren oder in anderer Weise auszuwerten. Die Identifikation kann eine partielle oder komplette soziale Sicherheitsnummer des Benutzers oder einen anderen einzigartigen willkürlichen Code oder Unterschriftscode umfassen.

Ferner kann eine derartige Datenstruktur eine anwendungsspezifische Transaktionskontrolle und Payload-Bereiche in Abhängigkeit von der vom Benutzer autorisierten Transaktionsbasis enthalten. Wahlweise kann die Datenstruktur digital in repräsentativer elektrischer Signalform vorgesehen sein, die in Abhängigkeit von einem oder mehreren Sicherheitssignal- oder Datenmodulationsschemen als gestreutes Spektrum oder anderes Schema für einen Zeit/Frequenz/Codedivisionsmehrfachzugriff (T/F/CDMA) codiert, komprimiert, übertragen, gespeichert, empfangen und decodiert werden können.

Auf diese codierte/decodierte Weise kann wahlweise auf Bioinformatikdaten, persönliche genetische Sequenzen oder Untergruppen hiervon von Netzwerkdatabasen Zugriff genommen werden oder diese können hiervon übertragen werden, und zwar mit reduziertem Risiko der Veröffentlichung von vertraulichen Daten, indem insbesondere von einer Zufallscodierung und einem Frequenz-Hopping-Schema für Streuspektrumkommunikationen und Signaltechniken Gebrauch gemacht wird, wie sie in beliebigen veröffentlichten Industrie-Standardmodulationsspezifikationen beschrieben sind, wobei die Offenbarung dieser Dokumente durch Bezugnahme in die vorliegende Offenbarung eingearbeitet wird. Die Übertragung von vertraulichen Bioinformatikdaten als codierte Signale zwischen Servern über das Netzwerk 2 wird daher mit einem reduzierten Risiko der Veröffentlichung durchgeführt.

Ferner werden in Abhängigkeit von einem bevorzugten Bioinformatiktransaktionsschema Transaktionen, Kommunikationen, Operationen, Verhandlungen, Aufforderungen oder andere automatisierte Service-Interaktionen mit oder in Verbindung mit dem Benutzer initiiert, ausgelöst, modifiziert, durchgeführt, geliefert, autorisiert, beendet oder sonstwie durchgeführt in Abhängigkeit vom Zustand von einem oder mehreren der Bioinformatikwerte, insbesondere einer Benutzerrisikoanalyse oder eines hieraus ermittelten Zustandes.

Vorzugsweise repräsentiert der Bioinformatikwert oder kann so bearbeitet werden, daß er bestimmt oder sonstwie

erzeugt, Indikationen, Neigungen, Wahrscheinlichkeiten, Empfänglichkeiten, Verletzbarkeiten, Risiken, Sicherheiten oder andere deterministische oder statistische Werte eines speziellen oder identifizierten Benutzers, der einen Zustand auf genetischer Basis oder eine hiermit in Verbindung stehenden Zustand aufweist oder einen solchen entwickelt, wie beispielsweise eine oder mehrere medizinische, genetische, mentale, emotionale Krankheiten oder einen anderen Zustand, die oder der in Abhängigkeit von einer oder mehreren speziellen eingegebenen Vorschriften, Datenbanken, Mapping-Kriterien, akzeptierten Tabellen oder anderen akzeptierbaren Wegen oder Algorithmen zum logischen, strukturellen oder funktionellen Verknüpfen von vorgegebenen Bioinformatikwerten mit dem speziellen eingegebenen Zustand oder der Wahrscheinlichkeit des Auftretens eines derartigen Zustandes oder von Zuständen bekannt, angezeigt oder vermutet ist bzw. wird.

Somit können in Abhängigkeit von einem oder mehreren Aspekten des vorliegenden Schemas auf Bioinformatik basierende Transaktionen auf entfernte, sichere und/oder automatische Weise dazu dienen, einen oder mehrere Benutzer mit einer oder mehreren Versicherungs- oder anderen Policen oder Risikodiensten, Beförderungsangeboten, Multimedia-visuellen/Audio-Botschaften, Konkurrenzangeboten oder anderen elektronischen Kommunikationen zu versorgen, um das Auftreten oder Nichtauftreten von einem oder mehreren Zuständen auf genetischer Basis oder damit verbundenen Zuständen oder von hiermit verbundenen persönlichen Konsequenzen abzudecken oder in anderer Weise zu berücksichtigen. Beispielsweise können nach Art einer On-Line-Auktion im Wettbewerb stehende Versicherungsgesellschaften Benutzern in Abhängigkeit von allgemeinen Bioinformatikwerten sowie den gleichen oder unterschiedlichen statistischen Tabellen oder Risikoformeln separate Angebote unterbreiten.

Der hier verwendete Begriff "Bioinformatikwert oder genetischer Parameter" kann sich auf in einzigartiger Weise beziehbare oder persönlich identifizierbare Datenstrukturen, alphanumerische oder Textfolgen-, elektronische Signale oder andere repräsentative digitale Informationen zum Klassifizieren oder anderweitigen Verarbeiten durch den Benutzer beziehen, vorzugsweise in Abhängigkeit von freiwilligen, zulässigen oder anderen logischen Kriterien oder vom Benutzer autorisierten Masken, Screens, Filtern, um in wirksamer Weise eine oder mehrere Untergruppen oder Sequenzabschnitte einer vollständigeren, referenz- oder generalisierten genetischen Sequenz, die dem Benutzer oder einer anderen Bezugsperson zugeordnet ist, zu definieren, zu erkennen, zu identifizieren oder auf andere Weise zu erzeugen.

So ist beispielsweise ein deterministischer oder vorhersagbarer Wert eines Benutzers, der einen Zustand oder eine Krankheit auf genetischer Basis hat oder sich diesen oder diese wahrscheinlich zuzieht, aus einem Bioinformatikwert oder einem genetischen Parameter ermittelbar. Daher hängen auf automatische Weise ein oder mehrere Parameter, Begriffe, Zustände oder andere spezielle Klassifizierungen für anwendbare Benutzertransaktionen direkt oder indirekt von derartigen Bioinformatikwerten, genetischen Werten oder Vorhersagewerten ab.

Bei einer vereinfachten Ausführungsform wird ein Vorhersageversuch in Abhängigkeit von vom Benutzer zur Verfügung gestellten Bioinformatikdaten in Auswertungssoftware mit dem Inscio-Server 4 durchgeführt, der anfangs den genetischen Parameter als gültiges Benutzersequenzsegment oder Benutzersequenzsegmente, die einen allgemein erkennbaren Code, wie CGAT etc., enthalten, qualifiziert. Vorzugsweise werden Benutzersegmente vorgesehen, die

vorspezifizierten Segmenten entsprechen, welche speziellen Sequenzpositionen zur Auswertung von bestimmten Klassen von Zuständen auf genetischer Basis zugeordnet sind. Dann richtet eine derartige Software ein oder mehrere Benutzersegmente gegen die gesamte generelle Referenzsequenz entsprechend einer akzeptierten Standardgenomkarte oder einem Teil hiervon aus.

In diesem Ausrichtungsprozeß, in dem genetische Benutzerparameter gegen die bekannte Sequenz und zugehörige Bedingungen verglichen werden, kann nunmehr die Serversoftware tatsächliche persönliche genetische Daten auswerten, die auf einzigartige Weise, obgleich partiell, ein Bioinformatikprofil des Transaktionsteilnehmers beschreiben. Der Benutzer maskiert oder schirmt dabei auf wirksame Weise unfreiwillige, wahrscheinlich vertraulichere Sequenzsegmente, die für die Transaktionsqualifikation weniger wesentlich sind, gegenüber einem Einblick von außen ab.

Derartige Software kann dann Vergleichs-, Mapping-, Analysen- oder andere Auswertungsergebnisse erzeugen, um anzuzeigen, wie eine derartige Benutzersegmentoffenbarung die Wahrscheinlichkeit oder das Risiko anzeigt oder vorschlägt, daß der Benutzer bestimmte Zustände auf genetischer Basis hat oder entwickelt, die dadurch angezeigt werden, daß bestimmte Sequenzterme oder Gruppen hiervon mit einer oder mehreren vorgegebenen Vorschriften oder heuristischen Werten übereinstimmen.

Ein oder mehrere heuristische Werte oder Vorschriften können in entsprechender Weise für eine oder mehrere Statistiken oder Risikotabellen vorgesehen sein oder in elektronischer Form als Rechenmodell gemäß einer oder mehreren Programmier- oder sonstigen Sprachen hohen Niveaus, wie C/C++ oder anderer Datenbankenmanagementsyntax, übertragen werden. Ferner können solche heuristischen Werte oder Vorschriften bzw. Regeln numerische oder statistische Instruktionen oder Gruppierungen bilden, um einen oder mehrere Risikoprofilwerte auf einen oder mehrere Benutzer in Abhängigkeit von individuellen Eigenschaften, wie Alter, Geschlecht, Raucherstatus, Verheiratenstatus, vorhergehende medizinische Historie etc., zu übertragen oder zu berechnen.

Solche heuristischen Werte oder Vorschriften können ferner ermöglichen, daß anwendbare Transaktionsauswertungssoftware automatisch einen oder mehrere Risikoprofilwerte auf einen oder mehrere Benutzer in Abhängigkeit von einer spezifizierten genetischen Mapping-Tabelle oder Formel überträgt oder berechnet, insbesondere einen derartigen Risikoprofilwert in Abhängigkeit von der Anwesenheit oder dem Fehlen von einem oder mehreren passenden oder nichtpassenden Genen an bestimmten Stellen, Sequenzsegmenten oder Untergruppen hiervon, wobei solche bestimmten Stellen, Segmente oder Untergruppen hiervon einer Sicherheit, Wahrscheinlichkeit, Unwahrscheinlichkeit oder einem anderen vorhersagbaren Wert entsprechen oder einen solchen Wert anzeigen, der einem oder mehreren Zuständen auf genetischer Basis, einer oder mehreren Krankheiten oder anderen hiermit in Verbindung stehenden Faktoren zugeordnet ist.

Benutzer können somit ein Screening, eine Maskierung, ein Filtern oder einen anderen sicheren Versuch zur Erkennung oder Identifizierung von bestimmten differenzierten oder identischen genetischen Elementen oder hiermit in Verbindung stehenden funktionalen Strukturen ermöglichen, die mit der Datei einer persönlichen Sequenz in Verbindung stehen, eine Untergruppe hiervon bilden oder sonstwie hiermit vergleichbar sind, wie ein vollständigeres generelles menschliches Genom oder eine andere persönliche Referenzsequenzdefinition.

Ferner können solche Bioinformatikdaten oder genetische Terme auf einer erstellten oder berechneten statistischen Tabelle oder einer anderen Datenbank und einem genetischen oder Erbgutprofil basieren, das zu dem speziellen Benutzer oder einer Gruppe hiervon gehört. Bioinformatikwerte oder genetische Terme können über einen oder mehrere Server mit Netzwerkzugriff ermittelt werden, und solche Werte oder Terme werden vertraulich in einer oder mehreren lokalen oder entfernten, hierzu gehörenden Datenbanken gespeichert.

Die Verarbeitung eines Bioinformatikwertes oder genetischen Termes zur Ermöglichung einer Transaktion mit einem oder mehreren Benutzern wird dynamisch in Echtzeit in Abhängigkeit von einem oder mehreren Regelsätzen, die auf einen oder mehrere zugehörige Benutzer anwendbar sind, durchgeführt, klassifiziert oder sonstwie in einer oder mehreren zeitlichen oder rechtlichen Gruppierungen oder Kategorien vorgesehen, vorzugsweise auf einer nicht-diskriminatorischen Basis oder einer anderen unparteiischen Schwelle oder Kriterien auf Fairnessbasis unter gleichermaßen qualifizierten oder klassifizierten Gruppenmitgliedern. In bestimmten Fällen kann die Bioinformatikwertverarbeitung identische genetische Terme anzeigen und vorschlagen, daß über mögliche betrügerische Probandaten, Sequenzclone oder Doppelanpassungen oder andere Alarmzustände berichtet und nachgeforscht wird.

Vorzugsweise liefern ein oder mehrere öffentliche Server eine aktualisierte Datenbank, die akzeptierbare oder nicht-diskriminatorische Probensequenzsegmente oder Indizes (d. h. sogenannte SNP) enthält, um Benutzerbioinformatikscreeningwerte zu definieren, die beispielsweise aus einer fortdauernden, zuverlässigen und qualitativ hochwertigen medizinischen und wissenschaftlichen genetischen Forschung resultieren. In diesem organisierten Screeningschema können daher verschiedene On-Line-Transaktionen und andere Service-Provider eine besser vorhersagbare Analyse und Auswertung von möglichen Kunden und Dienstleistungsnehmern durchführen, wie hier beschrieben.

Beispielsweise können ein oder mehrere Benutzer oder Transaktionen durchführende Server eine potentielle Diskriminationsverletzung oder eine andere repräsentative Signalanzeige oder einen entsprechenden Bericht erzeugen, in dem sie äquivalent profilierte Bioinformatikdaten für mehrere Benutzer in bezug auf ein vorgegebenes Transaktionsangebot vergleichen, wobei jedoch ein oder mehrere Benutzer gegenüber den anderen Benutzern mit besonderen vorteilhaften Transaktionstermen oder Policen versehen werden, insbesondere dort, wo ein auf genetischen Gegebenheiten basierender Unterschied zwischen solchen bevorzugten oder benachteiligten Benutzern im wesentlichen in nicht erlaubten Klassifikationen in Abhängigkeit von speziellen Regelsätzen oder heuristischen Werten, beispielsweise rassischen oder ethnischen Charakters, entsteht.

Wahlweise können ein oder mehrere Sequenzsegmente über Transaktionsverarbeitungsregelsätze oder heuristische Werte so festgelegt werden, daß sie blockiert oder auf andere Weise für eine Betrachtung in bezug auf eine Transaktionsrisikoanalyse nicht berücksichtigt werden, da sonst die Detektion einer derartigen beschränkten Analyse zu einer Diskriminationsanzeige führen kann, wie hier beschrieben.

Wahlweise werden ein oder mehrere Sätze von mehrfachen Bioinformatikwerten und/oder genetischen Termen, die zu einem oder mehreren Benutzern gehören, ermittelt, modifiziert, festgelegt, eingestuft oder sonstwie erzeugt. Somit können gegenwärtige oder vorhergehende Transaktionen mit speziellen Benutzern in Abhängigkeit von vorhergehenden oder anfänglichen Bioinformatikwerten entsprechend modifiziert werden, beispielsweise wenn ein neu zur

Verfügung gestellter Bioinformatikwert einen Anstieg oder einen Abfall der Wahrscheinlichkeit oder des Risikos eines vorgegebenen Benutzers, der einen bestimmten Zustand auf genetischer Basis besitzt oder entwickelt, repräsentiert.

Wenn für mehrere Benutzer der gleiche oder ein im wesentlichen äquivalenter Bioinformatikwert oder genetischer Term ermittelt oder in Verbindung gebracht wird, tritt eine entsprechende Transaktion oder andere Operation, die bei jedem Benutzer durchführbar ist, vertraulich auf und wird vorzugsweise separat in Abhängigkeit von jedem Bioinformatikwert oder genetischen Term des Benutzers auf effektiv nicht-diskriminatorischer Basis verarbeitet.

Vorzugsweise kann ein Netzwerkbenutzer oder eine zu einem speziellen Benutzer oder einer Gruppe hiervon gehörende Vorrichtung an das Netzwerk 2 für einen interaktiven Zugriff und Transaktionen hiermit gekoppelt sein. Beispielsweise kann ein Bioinformatikwert oder genetischer Term für eine oder mehrere Transaktionsoperationen in einem sicheren authentisierten Prozeß durch implantierbare oder tragbare Benutzervorrichtungen erzeugt werden. Wahlweise wird ein Benutzerkonto oder ein Speicherplatz, der in der Benutzervorrichtung vorgesehen ist oder auf diese Zugriff hat, aktualisiert, um Rechnungen, Mengen, Frequenzen, Qualitäten oder andere Faktoren sowie Kredite in bezug auf bestimmte oder alle Benutzertransaktionen oder hiermit in Verbindung stehende Netzwerkaktivitäten zu identifizieren, zu messen oder auf andere Weise aufzuzeichnen.

Es wird hier allgemein vorgeschlagen, daß der Benutzer-server oder Vorrichtungsmodul 12 durch verschiedene mit Netzwerkzugriff ausgestattete oder alleinstehende Personalcomputer, Ingenieur-Arbeitsstationen, persönliche digitale Hilfsmittel, Prozessoren, Mikrocontroller, Server, Netzwerkgeräte oder andere adressierbare Knotenpunkte verwirklicht wird, die eine Speicher- und Verarbeitungsfunktion besitzen.

Vorzugsweise umfaßt die Benutzervorrichtung 12 ein oder mehrere Speicherschaltungen oder Datenbank-Software-Einheiten 13 zum Speichern von Bioinformatikwerten oder genetischen Termen, die zu einem oder mehreren Benutzern gehören, sowie Mikroprozessoren zum sicheren Steuern des Zugriffs auf gespeicherte Werte und Terme über das Netzwerk 2. Der Mikroprozessor der Vorrichtung kann einen sicheren Zugriff auf und sichere Transaktionen zwischen den Servern 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 ermöglichen. Insbesondere kann der Mikroprozessor spezielle Transaktionsbedingungen, wie einen ungesicherten Zugriff, eine Transaktion für mehrere Benutzer, den gleichen Bioinformatikwertzustand, eine regelverletzende Transaktionsdiskrimination etc., ermitteln, kennzeichnen, überwachen, in Alarmbereitschaft setzen oder sonstwie signalisieren.

Das Ablaufdiagramm der Fig. 1b zeigt Operationsschritte des Netzwerkes 2 zum Automatisieren von Bioinformatiktransaktionen, wobei ein On-Line- oder interaktiver digitaler Service oder andere elektronische Botschaften unter Verwendung eines vom Nutzer freigegebenen genetischen Profils oder einer Untereinheit hiervon gesichert werden.

Anfangs wird das Netzwerk 2 so konfiguriert (20), um verschiedenartige adressierbare Rechenknotenpunkte 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 zu koppeln, einschließlich entsprechender heterogener oder homogener Datenbanken 6, 7, 9, 11, 13, 15, 17 für geeignete Kommunikationen, Kontrollen und Dateiübertragungen zwischen Klient und Server oder Gleichgestellten. Vorzugsweise wird jeder hiermit gekoppelte Server 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 in bezug auf eine sichere Autorisierung und geeignete Partizipierung oder Dateizugriffspegel überprüft. Falls eine Unterstützung und Abstufung für eine erhöhte Netzwerktransaktionsbelastung erforderlich ist, können zusätzliche Server und Datenbanken gekoppelt und

als Nutzer oder Serviceprovider für eine oder mehrere wahrscheinliche oder qualifizierte Transaktionsgruppen registriert werden.

Ein oder mehrere Klient- oder Nutzerknoten 12 können dann in bezug auf eine Netzwerkkonfiguration und Subskription für eine oder mehrere spezifizierte Netzwerktransaktionskategorien oder Zugriffsgruppen eingestellt werden. Das Testen der Nutzervorrichtung und Software kann für eine laufende Kalibrierung entfernt durchgeführt werden. Vorzugsweise sehen ein oder mehrere Netzwerkserver eine Transaktionsmanagementsteuerung und ein Gesamtservicing vor, um die Botschaften zwischen Transaktionsprovidern und verschiedenartigen aktiven und möglichen Nutzervorrichtungen, die hieran gekoppelt sind, zu koordinieren.

Eine oder mehrere Datenbanken 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17 können dann ermittelt, initialisiert, aktualisiert oder sonstwie als Teil, momentan oder potentiell, für eine oder mehrere spezielle Netzwerktransaktionskategorien oder Zugriffsgruppen definiert werden, wie bei 22 gezeigt. Heuristische Werte oder andere Regelsätze werden in einer oder mehreren Datenbanken für einen Netzwerkzugriff ermittelt, initialisiert, aktualisiert oder auf andere Weise definiert.

Vorzugsweise werden alle anwendbaren Anforderungen in bezug auf Bioinformatik- oder Biogenetik-bezogene Datenbanken, heuristische Werte oder Regelformate, Spezifikationen und Schnittstellen oder Zugriffe, wie sie beispielsweise in Verbindung mit elektronischen Daten, Signalen, Dateien oder Netzwerkübertragungen und Kommunikationen Anwendung finden, welche ein oder mehrere veröffentlichte oder industrielle Standards oder Syntax-Vorschriften erfüllen, sowie herkömmliche Ausweitungen hiervon, durch Bezugnahme in die vorliegende Offenbarung eingearbeitet.

Ein oder mehrere Softwareprogramme, anwendungsspezifische Programme, automatische Werkzeuge oder andere Transaktionscodes werden ermittelt, initialisiert, aktualisiert oder sonstwie als Teil, momentan oder potentiell, für ein oder mehrere spezifizierte Netzwerktransaktionskategorien oder Zugriffsgruppen definiert, wie bei 23 gezeigt.

Eine oder mehrere Transaktionen oder andere Operationsbotschaften werden zwischen dem Klienten- oder Benutzerserver und einem oder mehreren anderen Servern, die über das Netzwerk 2 hierauf Zugriff haben, übertragen oder initiiert, wie bei 24 gezeigt. Beispielsweise kann eine repräsentative Anfangsbotschaft über den Netzwerkbrowser oder andere Anwendungsscreens vorgesehen werden, um medizinische oder Gesundheitsversicherungspolizen, Marketingpromotionsangebote für einen bestimmten Handel oder andere personalisierte Servicekommunikationen einzuführen, zu bewerben, hieran zu erinnern, vorzuschlagen, in Alarmbereitschaft zu versetzen oder sonstwie hiermit in Verbindung zu treten.

Gemäß einem Aspekt des Transaktionsmodells auf Bioinformatikbasis ist ein Nutzerprofil oder eine genetische Risikokarte 25 erhältlich, wobei dynamisch die medizinische oder andere auf Genetik basierende Darstellung ermittelt oder analysiert wird, beispielsweise durch Vergleich der vertraulichen Benutzerdaten oder freiwilligen Sequenz-Untergruppen mit speziellen statistischen Tabellen, Erbguthintergrundinformationen und Neigungen sowie Transaktionsvorqualifikationsregelsätzen, um ein oder mehrere Nutzerrisikofeststellungen auf entsprechende vorhandene oder fehlende genetische Sequenz- oder andere heuristische Analysewerkzeuge zu übertragen und die Wahrscheinlichkeit vorherzusagen oder zu berechnen, daß ein Benutzer einen oder mehrere Zustände auf genetischer Basis hat oder für diese empfänglich ist.

Insbesondere wird die Bioinformatikklassifizierung eines persönlichen Risikoprofils unter Anwendung von logischen

Maskierungs- oder Screeningverfahren sicher autorisiert, um wirksame Benutzeruntergruppen von Referenzgensequenzen oder verwandten Strukturen auszufiltern, und zwar relativ wirksam ohne die Notwendigkeit, den Inhalt von vertraulichen genetischen Sequenzdaten des Benutzers vollständig oder einen signifikanten Teil hiervon zu identifizieren, zu übertragen oder zu speichern.

Eine selektive Segmentoffenbarung, vorzugsweise unter absichtlicher Begrenzung der Offenbarung durch den Nutzer auf persönliche Gensequenzstellen, die der Transaktionsauswertung und dem verbundenen persönlichen Risiko zugeordnet sind, insbesondere dann, wenn festgelegte Forschungsdaten eine hohe Korrelation zwischen einer bestimmten Untersegmentsequenz und dem Auftreten oder der Wahrscheinlichkeit von bestimmten medizinischen oder krankheitsbedingten Zuständen bestätigen, verringert auf signifikante Weise die Offenbarung von vertraulichen Bioinformatikdaten und generellen Daten zur Übertragung, Speicherung und Analyse von derartigen Daten, da vollständige persönliche Gensequenzen oder Genome nicht offenbart oder verarbeitet werden.

Nach dem Nutzerprofil-Mapping **25** erhält daher das sichere Netzwerktransaktionssystem einen vom Nutzer autorisierten genetischen Term oder ein entsprechendes Bioinformatikprofil und führt in Abhängigkeit davon bei **26** einen On-Line-Service oder einen anderen Transaktionsvorgang durch, beispielsweise in Abhängigkeit von einem medizinischen Risiko auf genetischer Basis oder einem anderen hieraus ermittelten Risiko des Nutzers.

Ein bestimmter Transaktionsserver **4** einer Versicherungsgesellschaft kann für einen speziellen Benutzer, dessen zur Verfügung gestellter und autorisierter Bioinformatikwert, ermittelt aus einer ausgewählten Sequenzmaskierung eines Referenzgenoms, zu einer Wahrscheinlichkeit oder einem Risikoprofil von 0–5% führt, feststellen, daß ein solcher Versicherungskandidat innerhalb eines vorgegebenen zeitlichen Bereiches unter der Gesetzgebung von Kalifornien ernsthafte Gesundheitsprobleme oder Krankheiten (beispielsweise Herzprobleme) hat, und darüber hinaus, daß ein solches Erbgut- und anderes nicht-genetisches Profil (d. h. Nichtraucher, kein Krebs in der Familie) des Bewerbers nicht signifikant zum berechneten Risiko beiträgt.

Für die Versicherungsgesellschaft ergibt sich hieraus der Vorteil, daß sie eine genauere Ermittlung des Risikoprofils des Bewerbers erhält, während der Bewerber aus möglichen niedrigeren Policen infolge der Vorlage von günstigen Bioinformatikwerten Nutzen zieht.

Nutzertransaktionen und/oder entsprechende Dienste sind gemäß **27** in Abhängigkeit von Bioinformatikdaten, die einen Anstieg oder einen Abfall des Risikos auf genetischer Basis repräsentieren, modifizierbar. Die Daten werden von einem oder mehreren Netzwerkservern für einen entfernten Zugriff und Transaktionen unter Verwendung von diversen tragbaren Nutzervorrichtungen sicher verarbeitet, moduliert und gespeichert. Versicherungspolicen, Beförderungsangebote oder andere Dienstleistungen können daher basierend auf Bedingungen auf genetischer Basis virtuell in Echtzeit dynamisch adressiert und modifiziert werden.

Nachdem die laufende Transaktion oder der laufende Service bei **27** beendet ist, können neue Transaktionsbotschaftsoperationen **24** bei **28** wieder gestartet werden, um eine Anpassung an neue oder überarbeitete Transaktionsanfordernisse zu ermöglichen. Verschiedenartige Transaktionen können mit einer oder mehreren Botschaften oder Signalübertragungen zwischen Transaktionsserver und Nutzer in geeigneter Weise, um eine spezielle Transaktion durchzuführen, fortgesetzt werden.

Ferner können nach Vervollständigung der Nutzerprofil-

karte **25** Nutzereinstellungen und Tests **21** bei **29** wieder gestartet werden, um eine Anpassung an eine neue oder überarbeitete Netzwerkteilnahme des Benutzers oder Klienten zu ermöglichen. Daher kann das momentane Transaktionschema auf Bioinformatikbasis in dynamischer Abhängigkeit von Nutzeranforderungen, Modifikationen oder Signalen fortgesetzt werden.

Wie vorstehend beschrieben, klassifizieren die Bioinformatikdaten einen Nutzer per persönlicher Maske, die eine Untereinheit der genetischen Nutzersequenz herausfiltert, und es wird ein Risikoprofil in Abhängigkeit von statistischen, genetischen und/oder Erbgutwerten berechnet, vorzugsweise unter Anwendung von nicht-diskriminatorischen Regeln, die für Nutzer in zeitlichen oder rechtlichen Gruppen spezifiziert sind. Eine zeitliche Gruppierung kann in Abhängigkeit vom Alter, der relevanten Zeit/Tag/Woche/Monat/Jahr etc. durchgeführt werden. Rechtliche Gruppierungen können in Abhängigkeit von der Adresse, Gemeinde, Stadt, Staat, Land etc. durchgeführt werden.

**Fig. 1c** zeigt eine bevorzugte Funktionskonfiguration eines Benutzermoduls **30**, das eine Netzwerkkommunikationsschnittstelle **31** zum Koppeln des Nutzermoduls an das Netzwerk **2** und eine entfernte Signalübertragung und einen entfernten Datenzugriff, einen Prozessor und einen Speicher **32** zum Berechnen und Speichern von digitalen Befehlen, Signalen und Daten, einen Datenbankmanager **33** zum Steuern und Managen von Lese-, Schreib-, Modifizier- und Löschsignalen für die Datenbank **13**, ein oder mehrere Nutzermischsignalsensoren **34** zum elektronischen Detektieren von einem oder mehreren Biometrik- oder Bioinformatikwerten oder Zuständen des Benutzers, eine Sicherheitsidentifikationsprüfeinheit **35** zum Authentisieren eines korrekten Nutzers über Text-, Unterschrift-, Stimm-, Netzhaut-, Fingerabdruck- oder andere identifizierbare Eingangssignale, eine visuelle und/oder Audiodisplaybildschirm/LautsprecherAusgabeschnittstelle **36** zur Übertragung von Transaktionsbotschaften an den Nutzer, einen Nutzermonitoreingang **37** zum Überwachen von Video- und/oder Audioeingangssignalen des Nutzers und eine periphere Schnittstellen- oder Bus- oder Signaleinheit **38** zum Koppeln des Nutzermoduls **30** an andere spezielle oder allgemeine Digital- oder Analogvorrichtungen zur Kommunikation oder Signalübertragung damit aufweist. Es wird vorgeschlagen, die Nutzervorrichtung weiter zu vereinfachen einschließlich einer bloßen Speicherungs- und Verarbeitungsfunktion zur Handhabung eines sicheren Zugriffs auf Bioinformatikdaten.

Das Nutzermodul **12, 30** kann vorzugsweise irgendeine tragbare Vorrichtung mit Netzwerkzugriff sein, die Nutzerbioinformatikdaten speichern und einen Netzwerkzugriff auf die gespeicherten Daten steuern kann.

**Fig. 2** zeigt beispielhafte Bioinformatikdatenstrukturen einschließlich einer Referenzsequenz **40** (partiell), einer Maskenuntereinheit **42** und hierzu ausgerichteten Indexierungskennzeichen **44** sowie Klassifikationsobjekten **46**. Wahlweise können die Kennzeichen **44** einem oder mehreren sogenannten Einzelnukleotidpolymorphismen (SNPs) entsprechen und dadurch die Neigung des Nutzers in bezug auf Krankheiten oder bestimmte Leiden oder Kombinationen hiervon zuordnen, markieren, verknüpfen, kartieren oder auf andere Weise anzeigen.

Insbesondere wird die durch die Maske **42** repräsentierte Datenstruktur oder eine repräsentative oder funktionelle Anzeige hiervon vorzugsweise vom Nutzer zur Verfügung gestellt oder freigegeben, um die Netzwerktransaktionsaktivität zu autorisieren oder auf andere Weise zu ermöglichen, und kann ein oder mehrere Bioinformatikwerte oder genetische Terme bezeichnen, die sich auf eine Nutzerrisikoklassifizierung oder eine andere Gruppierung auf genetischer Ba-

sis beziehen oder diese persönlich identifizieren.

Bei dieser sichereren Methodik ist ein vorhersagbarer Wert des Nutzers, der einem Zustand oder einem Leiden auf genetischer Basis ausgesetzt ist oder eine Neigung hierzu besitzt, aus einem Bioinformatikwert oder einem genetischen Term ermittelbar. Somit hängen in Computernetzwerkrelation ein oder mehrere Parameter, Terme, Zustände oder andere spezielle Klassifizierungen für anwendbare Nutzertransaktionen direkt oder indirekt von derartigen Bioinformatikwerten, genetischen Werten oder vorhersagbaren Werten ab, auf die elektronisch zugegriffen werden kann.

Die Maske 42 und/oder der Index 44 ermöglichen daher durch wirksames vereinfachtes (d. h. positive Offenbarung oder negative Blockierung) Screening, Filtern oder andere Verfahren die Erkennung oder Identifizierung von bestimmten differenzierten oder identischen genetischen Elementen oder funktionalen Strukturen, die auf die Datei einer persönlichen Sequenz bezogen sind, eine Untergruppe hiervon bilden oder hiermit auf andere Weise vergleichbar sind, wie beispielsweise vollständigerer generelle menschliche Genome oder andere persönliche Referenzsequenzdefinitionen.

Bei einer bevorzugten Ausführungsform wird vorgeschlagen, daß ein oder mehrere Nutzer- oder andere Referenzhumangensequenz- oder Genomsätze vorbestimmt und als relativ große sequentielle Datei in einer oder mehreren Datenbanken, die über das Netzwerk 2 zugänglich sind, gespeichert werden. Gemäß einem oder mehreren Aspekten der vorliegenden Erfindung kann der Benutzer auf vertrauliche Weise unter Anwendung von herkömmlichen Gensequenzverfahren sein oder ihr biologisches Material, wie Haar, Blut etc., testen, um eine persönliche genetische Sequenz oder ausgewählte Segmente hiervon zu erhalten.

Beispielsweise können vom Benutzer offenbarte Bioinformatikdaten oder verwandte genetische Werte in Abhängigkeit von einer geeigneten Transaktionsserveranwendung wahlweise offenbart oder autorisiert werden, wie beispielsweise eine medizinische Rastersegmentation für Versicherungsgesellschaften unter Berücksichtigung von zukünftigen Gesundheitsrisiken und eine nichtmedizinische Rastersegmentation für mögliche Angestellte unter Berücksichtigung von zukünftigen Managementfähigkeiten. Vertrauliche Labordaten können in voller Sequenz oder teilweise maskiert mit einer geeigneten Autorisation von der Datenbank 15 des Laborservers 14 gespeichert oder es kann auf diese zugegriffen werden.

Wie vorstehend ausgeführt, können ein oder mehrere ausgewählte Abschnitte einer solchen persönlichen Sequenz vorzugsweise auf vertraulicher Basis als logisches Raster oder Zugriffsschlüssel definiert und freigegeben werden, um Gensequenzdaten gegenüber einer Transaktionsprüfung durch Dritte freizugeben oder zu blockieren. Eine solche begrenzte Freigabe kann in angemessener Weise ermöglichen, daß die Transaktionspartei Transaktionsterme, wie ein persönliches medizinisches Risiko zur Spezifizierung von Versicherungspolice, definiert oder modifiziert.

Die vorstehend beschriebenen Ausführungsformen der Erfindung stellen lediglich Beispiele dar. Sie schränken in keiner Weise die Erfindung auf die beschriebenen genauen Ausführungsformen ein. Insbesondere wird vorgeschlagen, daß die funktionale Realisierung der hier beschriebenen Erfindung auf äquivalente Weise in Hardware, Software, Firmware und/oder anderen zur Verfügung stehenden funktionalen Komponenten oder Baublöcken erfolgen kann. Vor dem Hintergrund der erfindungsgemäßen Lehre sind auch andere Variationen und Ausführungsformen möglich. Der Umfang der Erfindung wird daher nicht durch diese detaillierte Beschreibung, sondern durch die beigefügten Patentansprüche

festgelegt.

#### Patentansprüche

1. Automatisiertes Transaktionsverfahren mit den folgenden Schritten:  
Ermitteln eines Bioinformatikwertes, der einem Nutzer zugeordnet ist; und  
Durchführen einer Transaktion mit dem Benutzer in Abhängigkeit vom Bioinformatikwert.
2. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert die Wahrscheinlichkeit oder das Risiko eines Benutzers umfaßt, der einen medizinischen oder physiologischen Zustand auf genetischer Basis hat oder entwickelt, wobei der Transaktionsschritt das Versehen des Benutzers mit einer Versicherungspolice zur Abdeckung des Auftretens des Zustandes auf genetischer Basis umfaßt.
3. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert die Wahrscheinlichkeit oder das Risiko eines Benutzers umfaßt, der einen mentalen oder emotionalen Zustand auf genetischer Basis hat oder entwickelt, wobei der Transaktionsschritt das Versehen des Nutzers mit einem Servicekontrakt unter Berücksichtigung des Auftretens des Zustandes auf genetischer Basis umfaßt.
4. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert die Wahrscheinlichkeit oder das Risiko eines Benutzers umfaßt, der einen Zustand auf genetischer Basis hat oder entwickelt, wobei der Transaktionsschritt das Versehen des Nutzers mit einem Beförderungsangebot unter Berücksichtigung des Zustandes auf genetischer Basis umfaßt.
5. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert die Klassifizierung eines Nutzers gemäß einer vom Nutzer autorisierten Maske umfaßt, wobei eine derartige Maske eine Untergruppe einer zum Nutzer gehörenden genetischen Sequenz umfaßt.
6. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert die Wahrscheinlichkeit oder das Risiko eines Benutzers umfaßt, der einen Zustand auf genetischer Basis auf der Grundlage einer statistischen Tabelle und eines zum Nutzer gehörenden genetischen Profils oder Erbgutprofils hat oder entwickelt.
7. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert für eine Transaktion mit dem Nutzer gemäß einem Regelsatz verarbeitet wird, der auf eine Vielzahl von Nutzern in einer zeitlichen oder rechtlichen Gruppierung auf einer nicht-diskriminatorischen Basis anwendbar ist.
8. Verfahren nach Anspruch 1, das des weiteren folgende Schritte umfaßt:  
Ermitteln eines zum Nutzer gehörenden anderen Bioinformatikwertes; und  
Modifizieren der Transaktion mit dem Nutzer gemäß dem anderen Bioinformatikwert.
9. Verfahren nach Anspruch 8, bei dem der andere Bioinformatikwert einen Anstieg oder einen Abfall der Wahrscheinlichkeit oder des Risikos des Nutzers umfaßt, der den Zustand auf genetischer Basis hat oder entwickelt.
10. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert von einem Server in einem Netzwerk ermittelt und in einer dem Server zugeordneten Datenbank vertraulich gespeichert wird, wobei der Server mit dem Nutzer über das Netzwerk Ferntransaktionen durchführt, um einen medizinischen Dienst für den Nutzer zu ermöglichen.

11. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert einem anderen Nutzer zugeordnet ist und die Transaktion gemäß dem Bioinformatikwert separat mit beiden Nutzern auf einer vertraulichen und nicht-diskriminatorischen Basis stattfindet. 5
12. Verfahren nach Anspruch 1, bei dem der Bioinformatikwert von einer tragbaren Nutzervorrichtung authentisch erzeugt wird und die Transaktion ein Nutzerkonto aktualisiert, das von der Nutzervorrichtung zugänglich ist. 10
13. Sicherheitsnetzwerkclientenvorrichtung mit einem Speicher zum Speichern eines einem Nutzer zuzuordnenden genetischen Termes und einem Prozessor zur Ermöglichung eines Netzwerkzugriffs auf den genetischen Term, um eine sichere Transaktion mit dem Nutzer zu ermöglichen. 15
14. Vorrichtung nach Anspruch 13, bei der ein vorhersagbarer Wert des Nutzers, der einem Zustand auf genetischer Basis ausgesetzt ist, aus dem genetischen Term ermittelbar ist, wobei ein Parameter der Transaktion vom vorhersagbaren Wert abhängig ist. 20
15. Vorrichtung nach Anspruch 13, bei der der genetische Term eine Nutzererlaubnis zum Screenen einer persönlichen Referenzsequenz umfaßt. 25
16. Vorrichtung nach Anspruch 13, bei der der genetische Term eine überarbeitete Untergruppe einer zum Nutzer gehörenden genetischen Sequenz umfaßt. 30
17. Vorrichtung nach Anspruch 13, bei der der Prozessor einen Zugriff ermöglicht, um eine Transaktion mit einer Vielzahl von Netzwerkservers vorzusehen. 35
18. Vorrichtung nach Anspruch 17, bei der der Prozessor eine Unterscheidungsanzeige zwischen einer Vielzahl von Netzwerktransaktionen ermittelt. 40
19. Datenstruktur für eine Bioinformatik-Transaktion mit einem Nutzer-Identifikator; und einer Maske für eine Untergruppe einer genetischen Sequenz, wobei eine Nutzerreferenzsequenz unter Anwendung der Maske für die Untergruppe der genetischen Sequenz sicher verarbeitbar ist. 45
20. Datenstruktur nach Anspruch 19, bei der der Nutzer-Identifikator und die Maske für die Untergruppe der genetischen Sequenz gemäß einem Streuspektrum-Verfahren digital kodierbar sind. 50

---

Hierzu 4 Seite(n) Zeichnungen

---

50

55

60

65



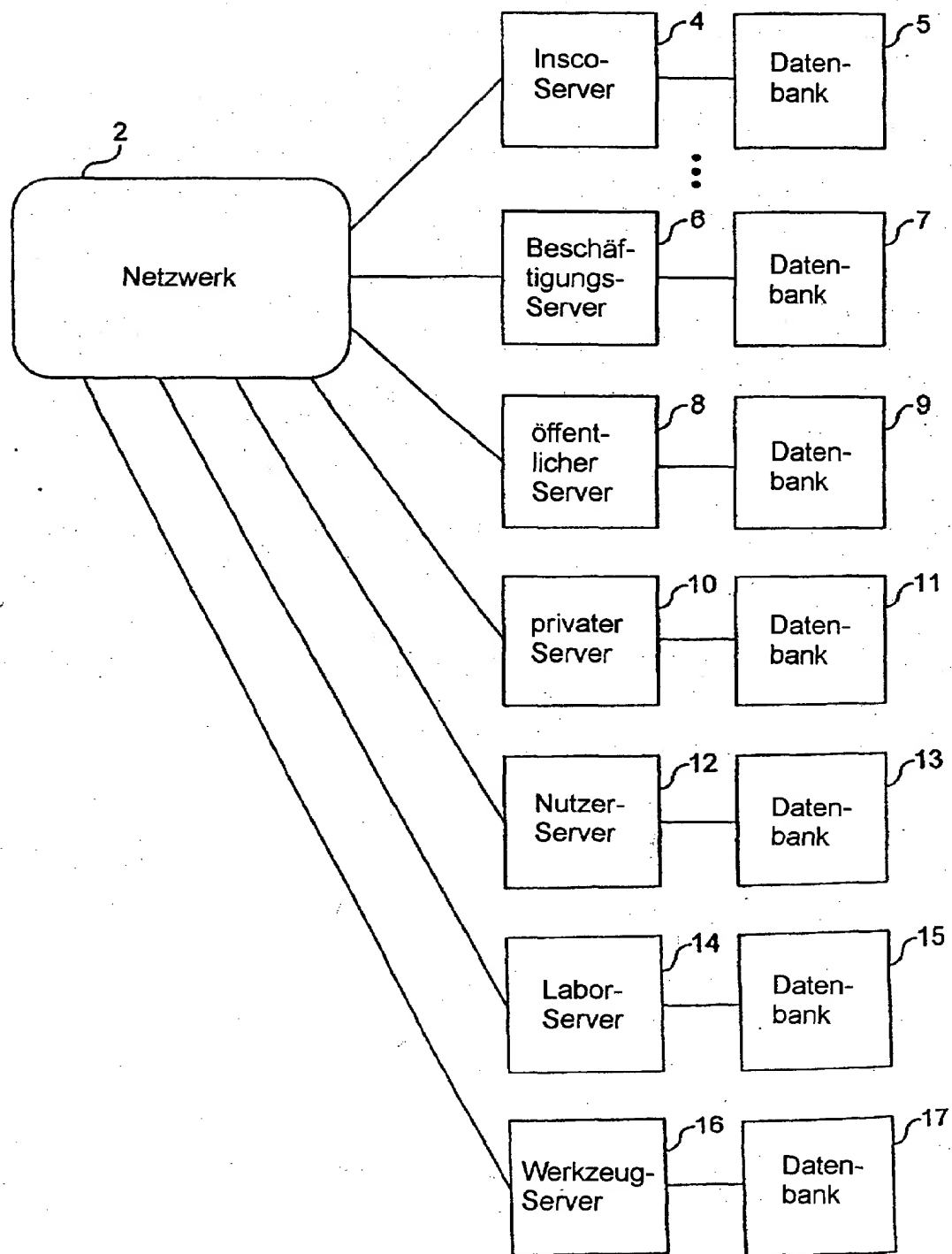
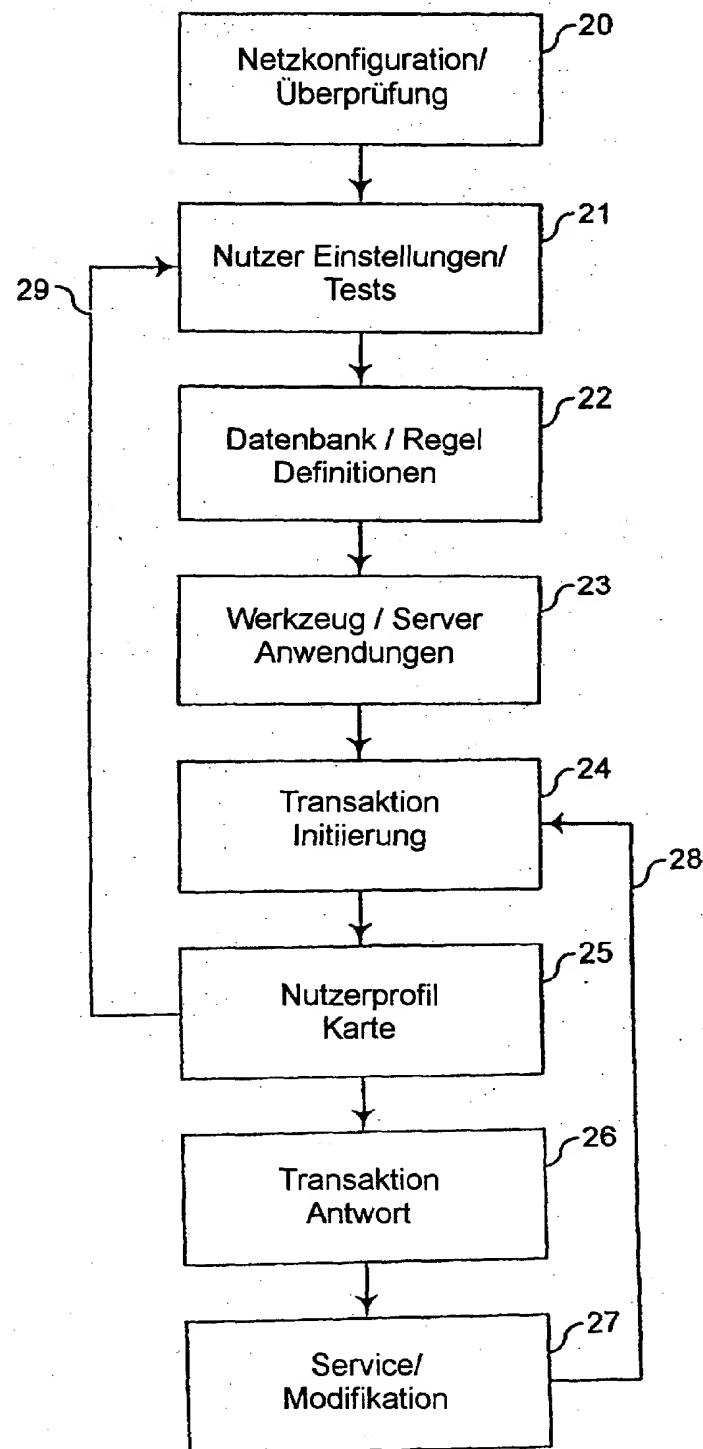
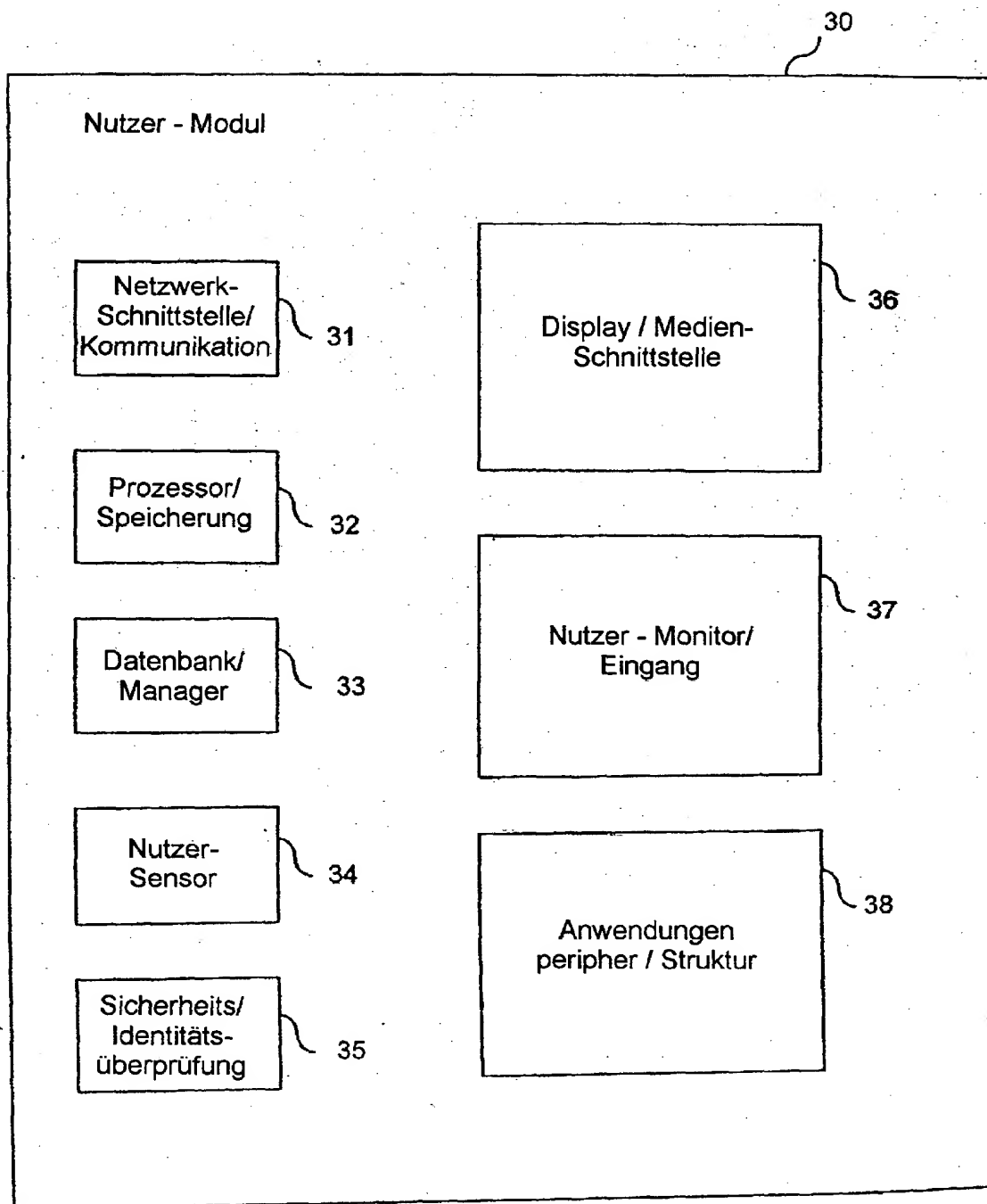
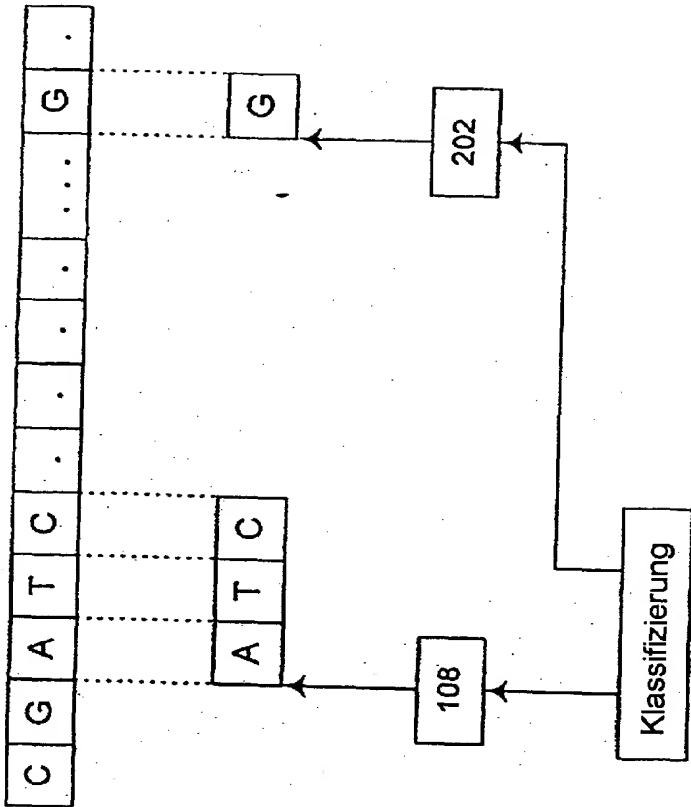


FIG. 1A

**FIG. 1B**



**FIG. 1C**



40 ~ Referenz :

42 ~ Maske :

44 ~ Index :

46 ~ Objekt :

FIG. 2

## BIOINFORMATIC TRANSACTION SCHEME

### Field

This discussion relates generally to bioinformatics, particularly to networked computer transactions using gene-related user data.

### Background

Bioinformatics refers to an emerging discipline which combines biology and computer science. In this growing interdisciplinary field, various techniques associated with genetics and pharmaceuticals may be combined with computers, software, databases, networks, and other digital processing technologies. Increasingly gene sequence databases and analysis tools are available widely through the Internet and other distributed computerized systems to automate certain promising areas of drug discovery, particularly identification, screening, and prediction of target gene and protein structure and function.

Present bioinformatics systems and processes, however, are highly data intensive, sometimes processing billions of pieces of personal genetic data, much of which may be very confidential in nature. Accordingly, there is need for improved scheme to manage voluminous bioinformatics data, as well as any sensitive transactions related thereto.

### Summary

The method and device here described enables secure bioinformatic-based transaction, whereupon on-line service is provided according to voluntary genetic profile. For example, network message pertains to insurance policy, promotional offer, or other personalized service, dynamically considering medical or other genetic-based risk determined from confidential user profile. Bioinformatic classification of personal risk profile is authorized using logical masking procedure to filter effective user subset of reference gene sequence or related structure.

Optionally, user risk profile is calculated using actuarial statistics, genetics and/or heredity per non-discriminatory rules specified temporally or jurisdictionally. Transaction terms are modifiable dynamically in response to profile risk increase or decrease. Secure network server processes, encodes, and stores data for remote access and transaction by portable user devices.

### Brief Description of Drawings

FIG. 1a is a system network diagram for implementing present invention; FIG. 1b is a flow chart of steps for implementing one or more aspects of present invention; FIG. 1c is a functional block diagram of a user module for implementing one or more aspects of present invention. FIG. 2 is a diagram illustrating data structure according to one or more aspects of the present invention.

### Detailed Description of Preferred Embodiment

FIG. 1a diagram shows representative electronic signal and/or packet, cell, frame or other data format switching, bridging, routing, and/or digital network or related digital system architecture 2, which may be implemented using one or more interconnectable or coupled conventional or proprietary, wired and/or wireless, electronic and/or optical, terrestrial and/or satellite, local area network (LAN) and/or wide area network (WAN), or other network communications infrastructure equipment, electronics, software and/or related fixed or reconfigurable functionality. Network 2 serves generally for enabling local and/or remote electronic signal, file, or other data access, transfer, storage, or other applicable communications between network-accessible computers, processors, servers, appliances, or other addressable nodes.

As shown, network 2 may serve to interconnect nodes such as insurance or other service company server or compute device 4 having access to member terms, policy, or rule database or other storage repository 5; employer or other corporate server or compute device 6 having access to employee, rule, or application criteria database or other storage repository 7; public or other governmental server or compute device 8 having access to rule, discriminatory criteria, recommended sequence mapping segments and heuristics, genome sequence, or restricted classes database or other storage repository 9; private or other secure server or compute device 10 having access to personal reference sequence or profile, specialized services, or rule database or other storage repository 11; user or other client server or compute device 12 having access to personal reference sequence or

profile, transaction account records, rules, specialized services, or sensor information database or other storage repository 13; laboratory or other test facility server or compute device 14 having access to personal reference sequence or profile, lab test sequencing results, or rules database or other storage repository 15; and tool or other automated applications server or compute device 16 having access to analysis software, specialized applications, or simulation programs and models database or other storage repository 17.

Each compute server facility 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 may operate independently or cooperative processing function effectively to distribute compute loading and data storage across scalable network resources.

Preferably, each such server is configured to run one or more conventional operating systems and programming languages and utilities, such as Windows, fortran, Unix, Linux, C/C++, perl, corba, cgi, etc.; one or more object-oriented or relational database management system to enable homogenous or heterogeneous data format and access, such as sql format; network communications interface management utility to enable apparently seamless file transfer and access, such as file transfer protocols, electronic mail, so-called htm/xml/java and othe media format for web browse and on-line transaction and commercial access.

Generally, in a secure network configuration preferably according to the present automated transaction process and/or system, one or more personal or unique



bioinformatic value, genetic term, DNA (deoxyribonucleic acid) sequence, folding structure, or subset thereof, or other biologically, hereditarily, or genetically identifiable or classifiable data associated with one or more user, participant, client, or other designated person or associated being is determined, provided, accessed, generated,  
5 calculated, processed, computed, or otherwise obtained.

Preferred bioinformatic value or genetic term is accessed, provided or generated as digital or alphanumeric data structure, including one or more user identifier field, and genetic sequence subset, mask, screen, or, filter field, effectively such that user reference  
10 sequence is processable securely for authorized transaction using sequence subset or genetic mask to qualify or otherwise evaluate participating user. Identifier may include partial or complete user social security number or other unique, random, or signature code.

15 Additionally, such data structure may include application-specific transaction control and payload fields, depending on user-authorized transaction basis. Optionally, data structure may be provided digitally in representative electronic signal form which may be encoded, compressed, transmitted, stored, received, and decoded, according to one or more secure signal or data modulation scheme, as spread spectrum, or other  
20 time/frequency/code-division multiple access (T/F/CDMA) scheme.

In this encoded/decoded manner, bioinformatic data, personal genetic sequences, or subsets thereof may be selectively accessed and communicated from network databases with reduced risk of publicly revealing confidential data, particularly by using randomized key coding and frequency-hopping scheme for spread spectrum

5 communications and signaling techniques, as specified in any applicable published industry-standard modulation specifications, which documents are hereby incorporated by reference as appropriate. Accordingly, user transmission of confidential bioinformatic data as encoded signals between servers through network 2 is accomplished with reduced risk of public exposure.

10

Further, generally in accordance with preferred bioinformatic transaction scheme, transaction, communication, operation, negotiation, solicitation, or other automated service interaction with, related to, or associated with the user is initiated, triggered, modified, consummated, delivered, authorized, terminated, or otherwise responsively  
15 conducted according to, depending on, or upon condition of one or more of the bioinformatic values, particularly user risk analysis or condition determined therefrom.

Preferably, bioinformatic value represents, or may be processed to determine or otherwise generate indication, propensity, probability, likelihood, susceptibility,  
20 vulnerability, inclination, risk, certainty, or other deterministic or statistical metric of particular or identified user having or developing a genetically-based or related condition, such as one or more medical, genetic, mental, emotional disease or other condition, which

is known, indicated, published, or suspected according to one or more specified rule set, database, mapping criteria, approved table, or other applicable heuristic or algorithm for logically, structurally, or functionally linking given bioinformatic value to particular condition, set thereof, or probability of such condition(s) occurring.

5

Thus, in accordance with one or more aspects of the present scheme, bioinformatics-based transaction may serve remotely, securely and/or automatically to provide or enable provision of one or more users with one or more insurance or other liability policy or risk service, or promotional offer, multi-media audio/visual message, competitive bid, or other electronic communication, to cover or otherwise contemplate the occurrence or non-occurrence of one or more genetically-based or linked condition or personal consequences related thereto. For example, in on-line auction fashion, competing insurance companies may offer separate rate bids to user according to common bioinformatic value, as well as same or different actuarial table or risk formula.

15

In particular, bioinformatic value or genetic term as used herein may refer to or mean uniquely referenceable or personally identifiable data structure, alphanumeric or text string, electronic signal, or other representative digital information for classifying or otherwise processing as described herein of the user, preferably according to volunteered, permitted, or user-authorized mask, screen, filter, or other logical criteria effectively for defining, recognizing, identifying, or otherwise generating one or more subset or

sequence portion of a more complete, reference, or generalized genetic sequence associated with the user or other reference entity.

Hence, for example, deterministic or predictive value of user being subject or  
5 likely to contract genetically-based condition or disease is determinable from  
bioinformatic value or genetic term. Thus, in an automated relationship, one or more  
parameter, term, condition, or other of specified classification for applicable user  
transaction(s) depends directly or indirectly on such bioinformatic, genetic, or  
predictability value.

10

In a simplified embodiment, predictive approach according to user-provided  
bioinformatic data is accomplished in evaluative software executed by insco server 4  
which initially qualifies genetic term as valid user sequence segment(s) that contains  
generally recognizable code such as CGAT etc. Preferably, user segments are provided  
15 to correspond with pre-specified segments associated with specific sequence locations for  
evaluating designated classes of genetic-based conditions. Then, such software further  
aligns one or more user segments against entire or portion of general reference sequence  
corresponding to accepted standard genome map.

20

In this alignment process which compares user genetic terms against known  
sequence and associated conditions, server software may now evaluate actual personal  
genetic data that uniquely, albeit partially, describes bioinformatic profile of transaction

participant. Meanwhile, user still effectively masks or screens other non-volunteered, presumably more confidential or less essential for transaction qualification, sequence segments from outside party review.

5       Such software may then generate comparison, mapping, analysis, or other evaluation results to indicate how such user segment revelation indicates or suggests likelihood or risk of having or developing certain genetically-based conditions that are indicated by matching certain sequence terms or groups thereof according to one or more predefined rules or heuristics.

10

One or more heuristic or rule may be provided similarly to one or more actuarial or risk table or transmitted in electronic form as a computational model following one or more high-level programming or spreadsheet language, such as C/C++ or other database management syntax. Further, such heuristic or rule may provide numerical or statistical  
15 instructions or groupings to assign or calculate one or more risk profile values to one or more user applicants according to individual characteristics, such as age, sex, smoker status, marriage status, prior medical history, etc.

Also, such heuristic or rule may allow applicable transaction evaluation software  
20 automatically to assign or compute one or more risk profile values to one or more user applicants according to pre-specified genetic mapping table or formula, particularly determining such risk profile value according to the presence or absence of one or more

matching or non-matching genes at designated locations, sequence segments, or sets thereof, whereupon such designated locations, segments, or sets thereof, correspond and indicate a certainty, likelihood, unlikelihood or other predictive value associated with one or more genetically-based condition, medical disease, or other related factor.

5

Hence, users may permit screening, masking, filtering, or other secured approach to recognize or identify certain differentiated or identical genetic elements or functional structures related to, as a subset of, or otherwise comparable to a personal sequence file, such as a more complete general human genome or other personal reference sequence definition.

10

Additionally, such bioinformatic data or genetic term may be based on a established or calculated statistical or actuarial table or other database and genetic or heredity profile associated with the particular user or set thereof. Bioinformatic values or genetic terms may be determined by or through one or more network-accessible servers, and such values or terms are stored confidentially in one or more local or remote database associated therewith.

15

Processing of bioinformatic value or genetic term for enabling transaction with one or more user is performed dynamically in real-time according to one or more rule set applicable to one or more users assigned, classified, or otherwise provided in one or more temporal or jurisdictional grouping or category, preferably on non-discriminatory basis or

20

other equitable threshold or fairness-based criteria among equivalently qualified or classified group members. In certain cases, bioinformatic value processing may indicate identical genetic terms, suggesting possible fraudulent sample data, sequence clone or twin matching, or other alert state to be reported and investigated.

5

Preferably, one or more public servers 8 provide updated database 11 containing acceptable or non-discriminatory sample sequence segments or index (i.e., so-called SNP) for defining user bioinformatic screening values, for example, resulting from ongoing, reliable, quality medical and scientific genetic research. Hence, in this

10 organized screening scheme, various on-line transaction and other service providers may conduct more predictable analysis and evaluation of potential customers and service applicants, as described herein.

For example, one or more user or transacting servers may generate a potential  
15 discrimination-violation or other representative signal indication or report upon comparing equivalently profiled bioinformatic data for multiple user applicants for a given transaction offer, but one or more user applicant(s) is provided substantially advantageous transaction terms or policy rates over other user applicants, particularly where genetically-based difference between such advantaged vs. disadvantaged  
20 applicants substantially arises in non-permitted classifications according to specified rule set or heuristics, such as racial or ethnic character.

Optionally, one or more sequence segments may be designated by transaction processing rule set or heuristics to be block or otherwise disregarded from consideration for transactional risk analysis, otherwise, detection of such restricted analysis may result in discrimination indication, as described herein.

5

Optionally, one or more sets of multiple bioinformatic values and/or genetic terms which are associated with one or more users are determined, modified, tiered, ranked, or otherwise generated accordingly. Thus, present or previous transaction with specified user(s) according to prior or initial bioinformatic values may be modified  
10 correspondingly, for example, when newly-provided bioinformatic value represents increase or decrease of likelihood or risk of given user having or developing certain genetically-based condition.

When same or substantially equivalent bioinformatic value or genetic term is  
15 determined or associated with multiple users, corresponding transaction or other operation applicable with each user occurs confidentially, preferably processed separately according to each user bioinformatic value or genetic term on effectively non-discriminatory basis.

20 Preferably, network client or device associated with particular user or group thereof may process or couple to network 2 for interactive access and transaction therewith. For example, bioinformatic value or genetic term may be generated for one or



more transaction operations in secure authenticated process by implantable or portable user device. Optionally, user account or repository provided in, or accessible to, user device is updated to identify, meter, or otherwise record billing charges, amount, frequency, quality, or other factor or account credits regarding certain or each user transaction or related network activity.

It is contemplated generally herein that user server or device module 12 may be implemented in various network-accessible or stand-alone personal computers, engineering workstations, personal digital assistants, processors, microcontrollers, servers, network appliances, or other addressable nodes, which provide storage and processing function.

Preferably, user device 12 includes one or more memory circuits or database software structure 13 for storing bioinformatic value or genetic term associated with one or more user, and microprocessor for securely controlling access to stored values and terms through network 2. Device microprocessor may enables secure access and transaction between servers 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16. In particular, microprocessor may determine, flag, monitor, alert, or otherwise signal specified transaction conditions, such as unsecured access, multi-user transaction, same bioinformatic value condition, rule-violation transaction discrimination, etc.

FIG. 1b flow chart shows network 2 operational steps generally for automating bioinformatic transaction, whereby on-line or interactive digital service or other electronic messaging is secured using user-released genetic profile or subset.

5 Initially, network 2 is configured 20 to couple various addressable compute nodes 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, including associated corresponding heterogeneous or homogeneous databases 6, 7, 9, 11, 13, 15, 17 for appropriate client-server or peer-peer communications, control, and file-transfer relationships. Preferably, each server 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 coupled thereto is checked for secure authorization and appropriate  
10 participation or file access levels. As necessary to support and scale for increased network transaction load, additional servers and database may couple and be registered as users or service providers for one or more probable or qualified transaction groups.

One or more client or user 12 node may then be set-up 21 as well for network  
15 configuration and subscription for one or more specified network transaction categories or access groups. User device and software testing may be performed remotely for current calibration. Preferably, one or more network server provides transaction management control and overall servicing to coordinate messaging between transaction providers and various active or possible user devices coupled thereto.

20

One or more databases 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17 may then be recognized, initialized, updated, or otherwise defined 22 as part, currently or potentially, for one or more

specified network transaction categories or access groups. Heuristics or other rule sets as well are recognized, initialized, updated, or otherwise defined within one or more such databases for network access.

5            Preferably, any applicable bioinformatic or biogenetics-related database, heuristic, or rule format, specification, and interface or access requirements, for example, as used in conjunction with electronic data, signal, file or network transfer and communication, which complies with one or more published or industry-adopted standards or syntax, as well as conventional extensions thereof, are hereby incorporated by reference.

10

One or more software programs, application-specific programs, automation tools, or other transaction code are recognized, initialized, updated, or otherwise defined 23 as part, currently or potentially, for one or more specified network transaction categories or access groups.

15

One or more transaction or other operational message is transmitted or initiated 24 between client or user server and one or more other server accessible thereto through network 2. For example, representative initial message may be provided through network browser or other applications screen to introduce, advertise, remind, suggest, alert, or  
20 otherwise relate to medical or health insurance policy, marketing promotional offer for certain merchandise, or other personalized service communication.

In accordance with one aspect of bioinformatics-based transaction model, user profile or genetic risk mapping 25 occurs, dynamically determining or analyzing medical or other genetic-based exposure, for example, by comparing confidential user data or volunteered sequence subset to specified actuarial tables, heredity background and propensity, transaction pre-qualification rule set for assigning one or more user risk determinations to corresponding present or absent genetic sequence or other heuristic analysis tools to predict or calculate user likelihood of having or being predisposed to one or more genetically-based conditions.

10 In particular, bioinformatic classification of personal risk profile is securely authorized using logical masking or screening procedure to filter effective user subset of reference gene sequence or related structure, relatively efficiently without necessarily identifying, transmitting, or storing complete or significant portion of content of confidential user genetic sequence data.

15 Selective segment revelation, preferably limiting disclosure deliberately by user only to personal gene sequence locations associated with transaction evaluation and related personal risk, particularly where established research data confirms high correlation between certain sub-segment sequencing and occurrence or likelihood of certain medical or disease conditions, significantly reduces exposure of confidential bioinformatic data, and general data size for transmitting, storing, and analyzing such

20

data, since more complete personal gene sequence or genome is not disclosed or processed.

Hence, upon user profile mapping 25, secure network transaction system obtains  
5 user-authorized genetic term or bioinformatic profile, and responsively transacts 26 on-line service or other transactional operation, for example, according to genetically-based user medical or other risk determined therefrom.

As further illustration, certain insurance company transaction server 4 may  
10 determine for particular user applicant that provided and authorized bioinformatics value, as determined from selected sequence masking of reference genome results in 0-5% likelihood or risk profile that such candidate insuree be exposed to serious health condition or diseases (such as heart problem) within given temporal range of 5-year policy and California jurisdictional residence, and additionally that such applicant's  
15 hereditary and other non-genetic profile (e.g., non-smoker, no family cancer) does not significantly contribute to calculated risk.

Advantageously, insurance company may benefit from having more accurate determination of applicant risk profile, while applicant benefits as well from potentially  
20 lower policy rates due to favorable bioinformatic value submission.

User transactions and/or corresponding services are modifiable 27 according to bioinformatic data representing genetically-based risk increase or decrease. Data is securely processed, modulated, and stored by one or more network server for remote access and transaction using various portable user devices. Insurance policy, promotional offer, or other service may dynamically address and be modified accordingly based upon 5 genetically-based condition in virtually real-time.

After current transaction or servicing is completed 27, new transaction messaging operations 24 may be re-started 28 to accommodate new or revised transaction 10 requirements. Various transaction applications may continue with one or more related messaging or signaling between transaction server and user, as appropriate to conduct particular transaction.

Moreover, after user profile mapping 25 is completed, user setup and testing 21 15 may be restarted 29 to accommodate new or revised user or client network participation. Accordingly, present bioinformatics-based transaction scheme may continue on ongoing basis, responding dynamically to user requests, modifications, or signals.

As described herein, bioinformatic data classifies user per personal mask which 20 filters subset of user genetic sequence, and risk profile is calculated according to actuarial statistics, genetics and/or heredity, preferably using non-discriminatory rules specified for users in temporal or jurisdictional groups. Temporal grouping may be according to age,

relevant time/day/week/month/year etc. Jurisdictional grouping may be according to address/community/city/state/country etc.

FIG. 1c diagram shows preferred functional configuration of user module 30,  
5 which may include network communications interface 31 for coupling user module to network 2 for remote signaling and data access; processor and storage 32 for computing and storing digital instructions, signals, and data; database manager 33 for controlling and managing read, write, modify, and delete access to database 13; one or more user mixed-signal sensors 34 for electronically detecting one or more biometric or bioinformatic  
10 values, or conditions associated with user; secure identification checker 35 for authenticating correct user via text, signature, voice, retinal, fingerprint, or other identifiable objective input; visual and/or audio display screen/speaker media output interface 36 for communicating transaction messages with user; user monitor input 37 for monitoring user video and/or sound input for communication therewith; and applications  
15 peripheral and related interface or bus or signaling structure 38 for coupling user module 30 to other specific or general digital or analog devices for communication or signaling therewith. It is contemplated herein that user device may be more simplified, including merely storage and processing function to handle secure bioinformatic data access.

20 As described herein, user module 12, 30 is embodied preferably in any portable network-accessible device which may store user bioinformatic data and control network access to stored data.

FIG. 2 diagram shows sample bioinformatic data structures, including reference sequence 40 (partial), mask subset 42 as well as indexing flags 44 aligned therewith, and classification object 46. Optionally, flags 44 may correspond with one or more so-called  
5 single nucleotide polymorphisms (SNPs), and thereby associate, mark, link, map or otherwise indicate user propensity for illness or particular disease or combination thereof.

In particular, data structure represented by mask 42, or representative or functional indication, thereof is preferably provided or released by user to authorize or  
10 otherwise permit network transaction activity, and may designate one or more bioinformatic value or genetic term which uniquely references or personally identifies user risk classification or other genetically-based grouping.

In this more secure methodology, predictive value of user being subject or likely  
15 to contract genetically-based condition or disease is determinable from bioinformatic value or genetic term. Thus, in network computer relationship, one or more parameter, term, condition, or other of specified classification for applicable user transaction(s) depends directly or indirectly on such bioinformatic, genetic, or predictability value accessible thereto electronically.

20

Hence, mask 42 and/or index 44 effectively enables simplified (e.g., positive exposure, or negative block) screening, filtering, or other approach to recognize or



identify certain differentiated or identical genetic elements or functional structures related to, as a subset of, or otherwise comparable to a personal sequence file, such as a more complete general human genome or other personal reference sequence definition.

5           In preferred embodiment, it is contemplated that one or more user or other reference human gene sequence or genome set is pre-determined and stored as a relatively large sequential file in one or more database accessible via network 2. However, in accordance with one or more aspect of present invention, user may confidentially test using conventional gene sequencing methods his or her biological material, such as hair,  
10   blood, etc., to obtain personal genetic sequence or selected segments thereof.

For example, user-disclosed bioinformatic data or related genetic values may be selectively revealed or authorized, depending on applicable transaction server application, such as medical screen segmentation for insurance company considering future health  
15   risk, and non-medical screen segmentation for potential employer considering future management capabilities. Confidential laboratory data may be stored or accessed, in full sequence or partially masked, with proper authorization from database 15 of lab server  
14.

20           As discussed herein, one or more selected portions of such personal sequence may be defined and released preferably on confidential basis as logical screen or access key to expose or block gene sequence data from other-party transaction scrutiny. Such limited

exposure may adequately enable transaction party to define or modify transaction terms, such as personal medical risk to specify insurance policy rates.

Foregoing described embodiments of the invention are provided as illustrations  
5 and descriptions. They are not intended to limit the invention to precise form described. In particular, Applicant contemplates that functional implementation of invention described herein may be implemented equivalently in hardware, software, firmware, and/or other available functional components or building blocks. Other variations and embodiments are possible in light of above teachings, and it is thus intended that the  
10 scope of invention not be limited by this Detailed Description, but rather by Claims following.

### Claims

What is claimed is:

1. Automated transaction method comprising the steps of:  
determining a bioinformatic value associated with a user; and  
5 transacting with the user according to the bioinformatic value.

2. The method of Claim 1 wherein:  
the bioinformatic value comprises a likelihood or risk of the user having or  
developing a genetically-based medical or physiological condition, wherein the  
10 transaction step comprises providing the user with an insurance policy to cover the  
occurrence of the genetically-based condition.

3. The method of Claim 1 wherein:  
the bioinformatic value comprises a likelihood or risk of the user having or  
15 developing a genetically-based mental or emotional condition, wherein the transaction  
step comprises providing the user with a service contract in contemplation of the  
occurrence of the genetically-based condition.

4. The method of Claim 1 wherein:  
20 the bioinformatic value comprises a likelihood or risk of the user having or  
developing a genetically-based condition, wherein the transaction step comprises

providing the user with a promotional offer or bid to serve the genetically-based condition.

5. The method of Claim 1 wherein:

5 the bioinformatic value comprises a classification of the user according to a user-authorized mask, such mask comprising a subset of a genetic sequence associated with the user.

6. The method of Claim 1 wherein:

10 the bioinformatic value comprises a likelihood or risk of the user having or developing a genetically-based condition based on a statistical or actuarial table and a genetic or heredity profile associated with the user.

7. The method of Claim 1 wherein:

15 the bioinformatic value is processed for transaction with the user according to a rule set that is applicable to a plurality of users in a temporal or jurisdictional grouping on a non-discriminatory basis.

8. The method of Claim 1 further comprising the steps of:

20 determining an other bioinformatic value associated with the user; and  
modifying the transaction with the user according to the other bioinformatic value.

9. The method of Claim 8 wherein:

the other bioinformatic value comprises an increase or decrease of likelihood or risk of the user having or developing the genetically-based condition.

5

10. The method of Claim 1 wherein:

the bioinformatic value is determined by a server in a network, and the bioinformatic value is stored confidentially in a database associated with the server, the server transacting remotely with the user through the network to enable a medical service for the user.

10

11. The method of Claim 1 wherein:

the bioinformatic value is associated with an other user, and the transaction according to the bioinformatic value occurs separately with both users on a confidential and non-discriminatory basis.

15

12. The method of Claim 1 wherein:

the bioinformatic value is authentically generated by a portable user device, the transaction updating a user account, which is accessible by the user device.

20

13. Secure network client device comprising:

a memory for storing a genetic term associated with a user; and

a processor for enabling a network access to the genetic term to provide a secure transaction with the user.

14. The device of Claim 13 wherein:

5 a predictability value of the user being subject to a genetically-based condition is determinable from the genetic term, a parameter of the transaction being dependent on the predictability value.

15. The device of Claim 13 wherein:

10 the genetic term comprises a user permit effectively for screening a personal reference sequence.

16. The device of Claim 13 wherein:

15 the genetic term comprises a revised subset of a genetic sequence associated with the user.

17. The device of Claim 13 wherein:

the processor enabling access to provide transaction with a plurality of network servers.

20

18. The device of Claim 17 wherein:

the processor determines a discrimination indication between a plurality of network transactions.

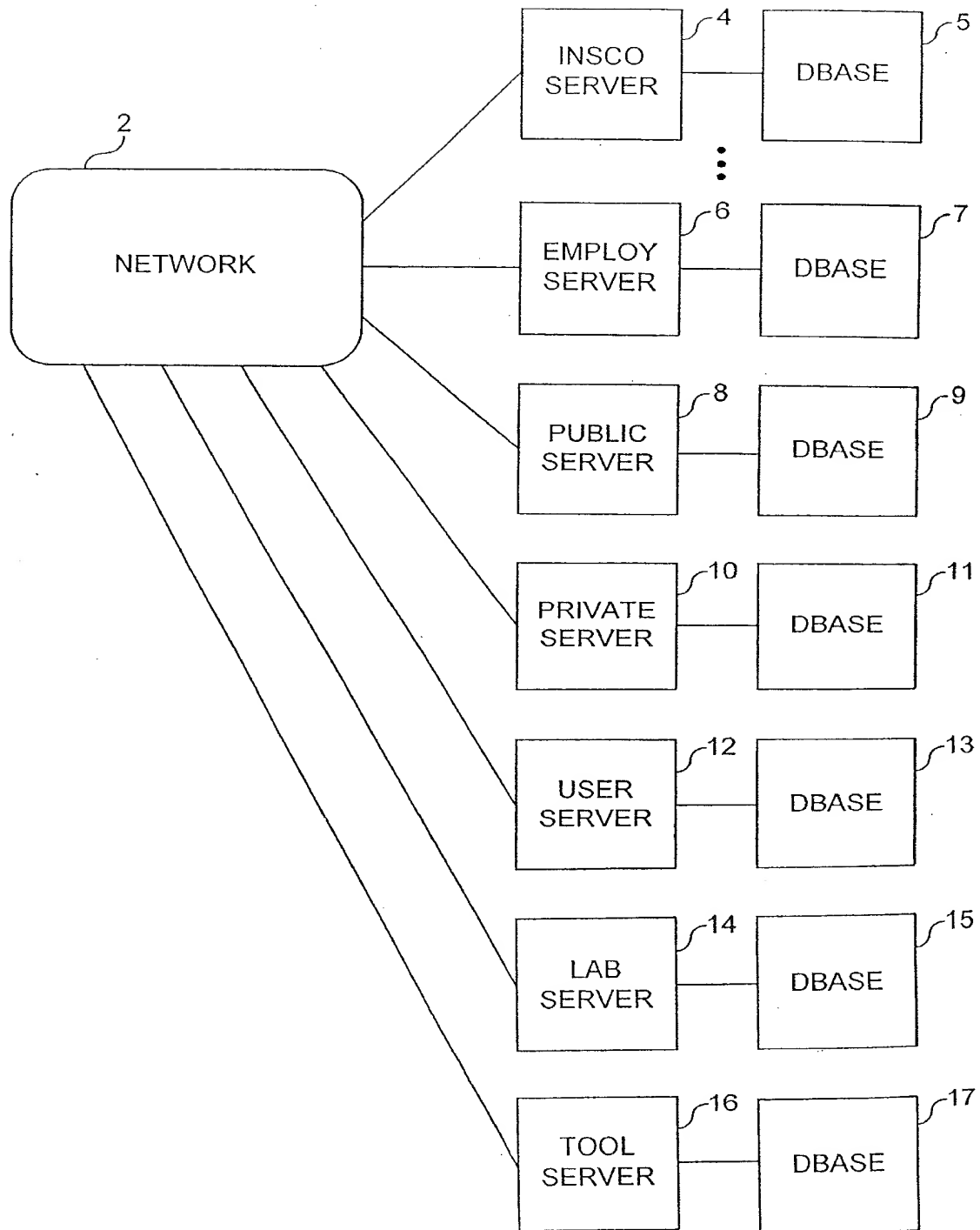
19. A data structure for bioinformatic transaction comprising:  
5 a user identifier; and  
a genetic sequence subset mask,  
whereby a user reference sequence is processable securely using the genetic sequence subset mask.

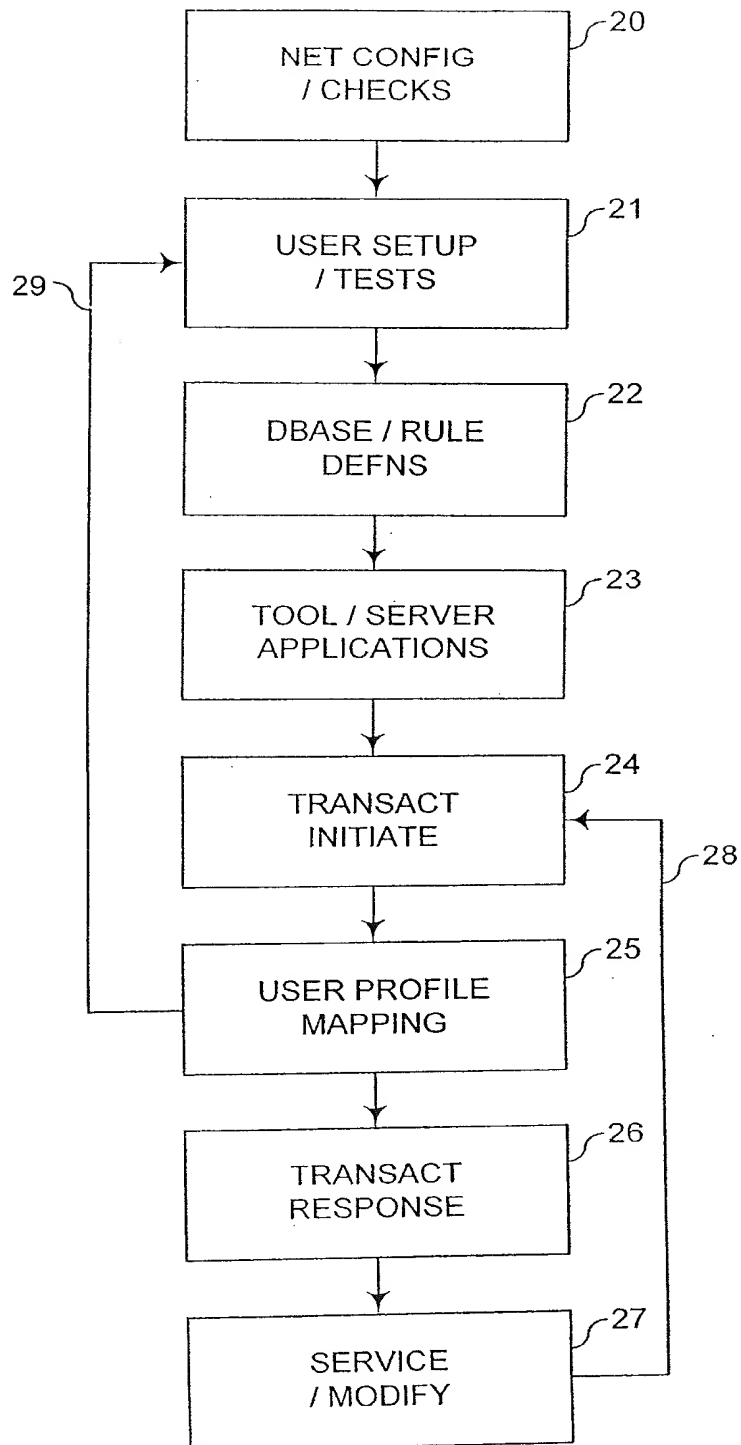
10 20. The data structure of Claim 19 wherein:  
the user identifier and the genetic sequence subset mask are encodable digitally according to a spread spectrum procedure.

# Abstract

Secure network transaction system obtains user-  
authorized genetic term or bioinformatic profile, and  
transacts online service according to genetically-based user  
medical or other risk determined therefrom. Insurance  
policy, promotional offer, or other service may dynamically  
address genetically-based condition. Bioinformatic data  
classifies user per personal mask which filters subset of  
user genetic sequence. Risk profile may be calculated  
according to actuarial statistics, genetics and/or heredity  
using non-discriminatory rules specified for users in  
temporal or jurisdictional groups. User transactions are  
modifiable according to bioinformatic data representing  
genetically-based risk increase or decrease. Data is  
securely processed, modulated, and stored by network  
server for remote access and transaction using various  
portable user devices.



**FIG. 1A**

**FIG. 1B**

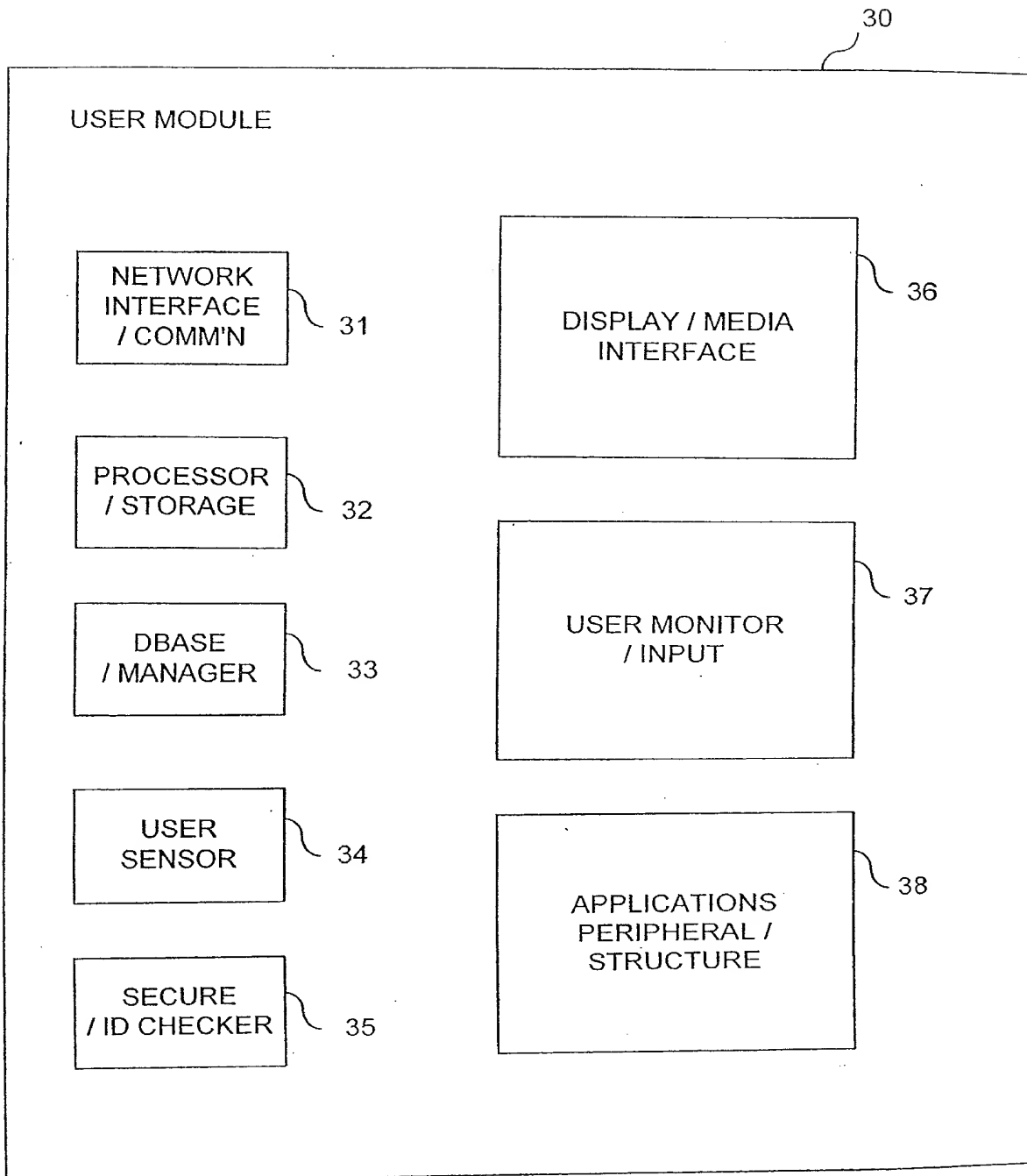


FIG. 1C

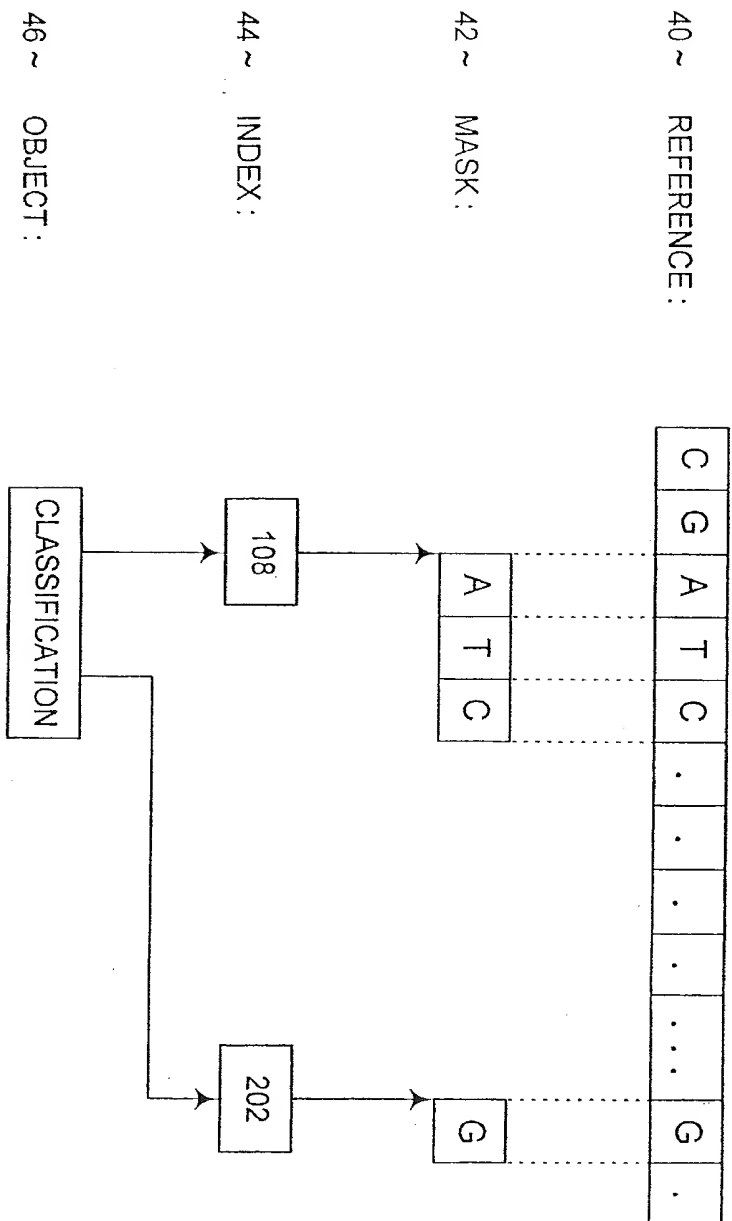


FIG. 2